

Tue Dec 3 12:26:17 2002

us-09-816-467-2.ram

GenCore version 5.1.3
Copyright (c) 1993 - 2002 Compugen Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on: December 1, 2002, 11:21:18 ; Search time 280 Seconds

(without alignments)
1066.112 Million cell updates/sec

Title: US-09-816-467-2
Perfect score: 2456
Sequence: 1 MVSFTPIPSYSKNLDCWVD.....DKILGCDWYVPIDEGWTND 463

Scoring table: BLOSUM62
Gapop 10.0 , Gapept 0.5

Searched: 4569144 seqs, 644733110 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 4569144

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database :

Pending Patents - AA_Main: *
1: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US087_COMB.pep.*
2: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US06_COMB.pep.*
3: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US07_COMB.pep.*
4: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US080_COMB.pep.*
5: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US081_COMB.pep.*
6: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US082_COMB.pep.*
7: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US083_COMB.pep.*
8: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US084_COMB.pep.*
9: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US085_COMB.pep.*
10: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US086_COMB.pep.*
11: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US087_COMB.pep.*
12: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US088_COMB.pep.*
13: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US089_COMB.pep.*
14: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US090_COMB.pep.*
15: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US091_COMB.pep.*
16: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US092_COMB.pep.*
17: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US093_COMB.pep.*
18: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US094_COMB.pep.*
19: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US095_COMB.pep.*
20: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US096_COMB.pep.*
21: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US097_COMB.pep.*
22: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US098_COMB.pep.*
23: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US099_COMB.pep.*
24: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US100_COMB.pep.*
25: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US101_COMB.pep.*
26: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US102_COMB.pep.*
27: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US60_COMB.pep.*

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	2456	100.0	463	19	US-09-501-787-16
2	2456	100.0	463	22	US-09-816-467-2
3	2451	99.8	573	21	US-09-791-537-132231
4	2451	99.8	1315	21	US-09-791-537-62216
5	2451	99.8	1315	24	US-10-018-997-1
6	2451	99.8	1315	26	US-10-241-596-141

7	2393	97.4	452	21	US-09-791-537-117345	Sequence 117345, App1
8	2387.5	97.2	661	19	US-09-594-985A-11	Sequence 11, App1
9	2385	97.1	453	19	US-09-594-985A-10	Sequence 10, App1
10	2349	95.6	469	21	US-09-791-537-49098	Sequence 49098, A
11	2348	95.6	444	21	US-09-791-537-49588	Sequence 49588, A
12	2331	94.9	441	21	US-09-791-537-49595	Sequence 49595, A
13	2337	94.7	441	21	US-09-791-537-49589	Sequence 49589, A
14	653.5	26.6	1067	22	US-09-831-050-3	Sequence 3, App1
15	653.5	26.6	1092	22	US-09-831-050-6	Sequence 6, App1
16	653.5	26.6	1295	21	US-09-726-949A-1	Sequence 1, App1
17	653.5	26.6	1295	21	US-09-726-949A-1	Sequence 1, App1
18	653.5	26.6	1296	8	US-08-405-516-2	Sequence 28, App1
19	653.5	26.6	1296	8	US-08-405-516-2	Sequence 28, App1
20	653.5	26.6	1296	8	US-08-405-516-2	Sequence 28, App1
21	653.5	26.6	1296	8	US-08-405-516-2	Sequence 28, App1
22	653.5	26.6	1296	8	US-08-405-516-2	Sequence 28, App1
23	653.5	26.6	1296	8	US-08-405-516-2	Sequence 28, App1
24	653.5	26.6	1296	8	US-08-405-516-2	Sequence 28, App1
25	653.5	26.6	1296	8	US-08-405-516-2	Sequence 28, App1
26	653.5	26.6	1296	8	US-08-405-516-2	Sequence 28, App1
27	653.5	26.6	1296	8	US-08-405-516-2	Sequence 28, App1
28	644.5	26.2	1297	11	PCT-US97-15394-77	Sequence 14255, A
29	644.5	26.2	1297	11	PCT-US97-15394-77	Sequence 14, App1
30	644.5	26.2	1297	11	US-08-704-159-77	Sequence 14, App1
31	644.5	26.2	1297	11	US-08-704-159-77	Sequence 14, App1
32	644.5	26.2	1297	11	US-08-704-159-77	Sequence 14, App1
33	644.5	26.2	1297	11	US-08-704-159-77	Sequence 14, App1
34	644.5	26.2	1297	11	US-08-704-159-77	Sequence 14, App1
35	644.5	26.2	1297	11	US-08-704-159-77	Sequence 14, App1
36	644.5	26.2	1297	11	US-08-704-159-77	Sequence 14, App1
37	643.5	26.2	1296	21	US-09-547-188-2	Sequence 28, App1
38	642.5	26.2	449	23	US-09-611-419A-18	Sequence 35146, A
39	642.5	26.2	449	23	US-09-611-419A-18	Sequence 18, App1
40	642.5	26.2	449	23	US-09-611-419A-18	Sequence 18, App1
41	642.5	26.2	473	11	PCT-US97-15394-79	Sequence 79, App1
42	642.5	26.2	473	11	PCT-US97-15394-79	Sequence 79, App1
43	641	26.1	473	26	US-10-271-012-79	Sequence 41, App1
44	627.5	25.5	425	16	US-09-288-326-9	Sequence 9, App1
45	627.5	25.5	434	20	US-09-611-419A-4	Sequence 4, App1

ALIGNMENTS

RESULT 1
US-09-501-787-16
Sequence 16, Application US/09501787
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: INSTITUT PASTEUR
TITLE OF INVENTION: HYBRID PROTEINS THAT MIGRATE RETROGRADELY AND
FILE REFERENCE: B4001 AD/CAL
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/501,787
CURRENT FILING DATE: 2000-02-11
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/055,615
PRIOR FILING DATE: 1997-08-14
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065,236
PRIOR FILING DATE: 1997-11-13
NUMBER OF SEQ ID NOS: 16
SOFTWARE: Patentln Ver. 2.1
SEQ ID NO 16
LENGTH: 463
TYPE: PRT
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence: cDNA
US-09-501-787-16

Query Match 100.0%; Score 2456; DB 19; Length 463;
Best local Similarity 100.0%; Pred. No. 2e-221;
Matches 463; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;
1 MVSFTPIPSYSKNLDCWVDNEEDIVILKSKTLINDINDIISDISGFNSVITYPDA 60

Chen, S.
09/816467
Seq. IDs 243 w/
14 hits
Page 1

```

Db 1 MFSTPIPFYSKNDLCWVNDNEEDIDVILKKSTLLINDINDIISDISGFNSSVITTPDA 60
QY 61 QLVPGINGKAIHLVNNSESEVIVHKAMDI EYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEOYGTN 120
Db 61 QLVPGINGKAIHLVNNSESEVIVHKAMDI EYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEOYGTN 120
QY 121 EYSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLPDKFNAYLANKWV 180
Db 121 EYSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLPDKFNAYLANKWV 180
QY 181 FITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSDIKFRIF 240
Db 181 FITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSDIKFRIF 240
QY 241 CALMPKEIEKLYTSYSTFLRDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLT 300
Db 241 CALMPKEIEKLYTSYSTFLRDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLT 300
QY 301 NAPSITNGKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDSPVKS GDFIKLYVSYNNNEHIVGYP 360
Db 301 NAPSITNGKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDSPVKS GDFIKLYVSYNNNEHIVGYP 360
QY 361 KGNAPFNNDRLRLRYGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 420
Db 361 KGNAPFNNDRLRLRYGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 420
QY 421 GOIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGTND 463
Db 421 GOIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGTND 463

```

RESULT 2
US-09-816-467-2
Sequence 2, Application US/09816467

```

GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: COEN, LAURENT
APPLICANT: PINZOLAS, ROSARIO OSMO
APPLICANT: BROUET, PHILIPPE
TITLE OF INVENTION: HYBRID PROTEINS THAT MIGRATE RETROGRADELY AND
FILE REFERENCE: 03495, 0174-01000
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/816,467
CURRENT FILING DATE: 2001-03-26
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/055,615
PRIOR FILING DATE: 1997-08-14
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065,236
PRIOR FILING DATE: 1997-11-13
NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
SEQ ID NO 2
LENGTH: 463
TYPE: PRT
ORGANISM: Clostridium tetani
US-09-816-467-2

```

Query Match 100.0%; Score 2456; DB 22; Length 463;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2e-221;
Matches 463; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```

QY 1 MFSTPIPFYSKNDLCWVNDNEEDIDVILKKSTLLINDINDIISDISGFNSSVITTPDA 60
Db 1 MFSTPIPFYSKNDLCWVNDNEEDIDVILKKSTLLINDINDIISDISGFNSSVITTPDA 60
QY 61 QLVPGINGKAIHLVNNSESEVIVHKAMDI EYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEOYGTN 120
Db 61 QLVPGINGKAIHLVNNSESEVIVHKAMDI EYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEOYGTN 120
QY 121 EYSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLPDKFNAYLANKWV 180
Db 121 EYSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLPDKFNAYLANKWV 180
QY 181 FITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSDIKFRIF 240

```

```

Db 181 FITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSDIKFRIF 240
QY 241 CALMPKEIEKLYTSYSTFLRDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLT 300
Db 241 CALMPKEIEKLYTSYSTFLRDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLT 300
QY 301 NAPSITNGKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDSPVKS GDFIKLYVSYNNNEHIVGYP 360
Db 301 NAPSITNGKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDSPVKS GDFIKLYVSYNNNEHIVGYP 360
QY 361 KGNAPFNNDRLRLRYGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 420
Db 361 KGNAPFNNDRLRLRYGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 420
QY 421 GOIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGTND 463
Db 421 GOIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGTND 463

```

RESULT 3
US-09-791-537-132231
Sequence 132231, Application US/09791537

```

GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Biomimix, Inc.
APPLICANT: Debe, Derek
APPLICANT: Danzer, Joseph
TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY ME
FILE REFERENCE: 261/210
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
CURRENT FILING DATE: 2001-02-22
NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
SOFTWARE: PatentIn version 3.0
SEQ ID NO 132231
LENGTH: 573
TYPE: PRT
ORGANISM: Clostridium tetani
US-09-791-537-132231

```

Query Match 99.8%; Score 2451; DB 21; Length 573;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 8.4e-221;
Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```

QY 2 VFSTPIPFYSKNDLCWVNDNEEDIDVILKKSTLLINDINDIISDISGFNSSVITTPDAQ 61
Db 112 VFSTPIPFYSKNDLCWVNDNEEDIDVILKKSTLLINDINDIISDISGFNSSVITTPDAQ 61
QY 62 LVPINGKAIHLVNNSESEVIVHKAMDI EYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEOYGTNE 121
Db 172 LVPINGKAIHLVNNSESEVIVHKAMDI EYNDMFNNFTVSFMLRVPKVSASHLEOYGTNE 121
QY 122 YSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLPDKFNAYLANKWV 181
Db 232 YSIISMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFERDLPDKFNAYLANKWV 181
QY 182 ITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSDIKFRIFC 241
Db 292 ITTNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLGAIREDNNITTLKDRCNNNOYVSDIKFRIFC 241
QY 242 KALMPKEIEKLYTSYSTFLRDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLTN 301
Db 352 KALMPKEIEKLYTSYSTFLRDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVOLKNTIDYMYLTN 301
QY 302 APSITNGKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDSPVKS GDFIKLYVSYNNNEHIVGYP 361
Db 412 APSITNGKLNITYRRLYNGLKFIIRKRYTPNNEIDSPVKS GDFIKLYVSYNNNEHIVGYP 361
QY 362 DGNAPFNNDRLRLRYGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 422
Db 472 DGNAPFNNDRLRLRYGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGTIN 422
QY 422 QIGNDPNRDLILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGTND 463

```

Db 532 QIGNDPNRDIILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 573

RESULT 4

US-09-791-537-62216
 ; Sequence 62216, Application US/09791537
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Bionomix, Inc.
 ; APPLICANT: Debe, Derek
 ; APPLICANT: Danzer, Joseph
 ; TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY MEMB
 ; FILE REFERENCE: 261/210
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
 ; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
 ; SEQ ID NO 62216
 ; LENGTH: 1315
 ; TYPE: PRT
 ; ORGANISM: Clostridium tetani
 US-09-791-537-62216

Query Match 99.8%; Score 2451; DB 21; Length 1315;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3e-220;
 Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 2 VSTPIPSYSKNDLCWVNEEDIDVILKKSTILNDINNDIISDLSGFNSVITYPDAQ 61
 DB 854 VSTPIPSYSKNDLCWVNEEDIDVILKKSTILNDINNDIISDLSGFNSVITYPDAQ 913
 QY 62 LVPINGKAIHLVNNSESVIYHKAMDIEYNDMFNFTVSFWLRVKSASHLEOYGTNE 121
 DB 914 LVPINGKAIHLVNNSESVIYHKAMDIEYNDMFNFTVSFWLRVKSASHLEOYGTNE 973
 QY 122 YSISSMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLWTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWF 181
 DB 974 YSISSMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLWTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWF 1033
 QY 182 ITTNDRISSANLYINGVYMSAEITGLAIREDDNITLKLDRCNNOYVSIDKFRIFC 241
 DB 1034 ITTNDRISSANLYINGVYMSAEITGLAIREDDNITLKLDRCNNOYVSIDKFRIFC 1093
 QY 242 KALNKEIEKLYTSYSLTFELDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVLKNTIDMYLTN 301
 DB 1094 KALNKEIEKLYTSYSLTFELDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVLKNTIDMYLTN 1153
 QY 302 APSYNGKLNITYRRLYNGLKFTIKRYPNNEIDSFVKSQDFIKLYVSYNNNEHIVGPK 361
 DB 1154 APSYNGKLNITYRRLYNGLKFTIKRYPNNEIDSFVKSQDFIKLYVSYNNNEHIVGPK 1213
 QY 362 DGNANNNLDRILRVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTVSVOLKLYDDKNASGLVGTHNG 421
 DB 1214 DGNANNNLDRILRVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTVSVOLKLYDDKNASGLVGTHNG 1273
 QY 422 QIGNDPNRDIILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 463
 DB 1274 QIGNDPNRDIILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 1315

RESULT 5

US-10-018-997-1
 ; Sequence 1, Application US/10018997
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: FAIRWEATHER, NEIL FRASER
 ; APPLICANT: SINHA, KATHARINE
 ; TITLE OF INVENTION: TETANUS TOXIN POLYPEPTIDES
 ; FILE REFERENCE: 078883-0143
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/018,997
 ; CURRENT FILING DATE: 2001-12-26
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB00/02428
 ; PRIOR FILING DATE: 2000-06-23

; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9914861.1
 ; PRIOR FILING DATE: 1998-06-25
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 27
 ; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
 ; SEQ ID NO 1
 ; LENGTH: 1315
 ; TYPE: PRT
 ; ORGANISM: Clostridium tetani
 US-10-018-997-1

Query Match 99.8%; Score 2451; DB 24; Length 1315;
 Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3e-220;
 Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 2 VSTPIPSYSKNDLCWVNEEDIDVILKKSTILNDINNDIISDLSGFNSVITYPDAQ 61
 DB 854 VSTPIPSYSKNDLCWVNEEDIDVILKKSTILNDINNDIISDLSGFNSVITYPDAQ 913
 QY 62 LVPINGKAIHLVNNSESVIYHKAMDIEYNDMFNFTVSFWLRVKSASHLEOYGTNE 121
 DB 914 LVPINGKAIHLVNNSESVIYHKAMDIEYNDMFNFTVSFWLRVKSASHLEOYGTNE 973
 QY 122 YSISSMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLWTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWF 181
 DB 974 YSISSMKKHSLSIGSGWSVSLKGNLWTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWF 1033
 QY 182 ITTNDRISSANLYINGVYMSAEITGLAIREDDNITLKLDRCNNOYVSIDKFRIFC 241
 DB 1034 ITTNDRISSANLYINGVYMSAEITGLAIREDDNITLKLDRCNNOYVSIDKFRIFC 1093
 QY 242 KALNKEIEKLYTSYSLTFELDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVLKNTIDMYLTN 301
 DB 1094 KALNKEIEKLYTSYSLTFELDFWGNPLRYDTEYLLIPVASSSKDVLKNTIDMYLTN 1153
 QY 302 APSYNGKLNITYRRLYNGLKFTIKRYPNNEIDSFVKSQDFIKLYVSYNNNEHIVGPK 361
 DB 1154 APSYNGKLNITYRRLYNGLKFTIKRYPNNEIDSFVKSQDFIKLYVSYNNNEHIVGPK 1213
 QY 362 DGNANNNLDRILRVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTVSVOLKLYDDKNASGLVGTHNG 421
 DB 1214 DGNANNNLDRILRVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTVSVOLKLYDDKNASGLVGTHNG 1273
 QY 422 QIGNDPNRDIILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 463
 DB 1274 QIGNDPNRDIILASNMWYFNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 1315

RESULT 6

US-10-241-596-141
 ; Sequence 141, Application US/10241596
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Microbiological Research Authority
 ; APPLICANT: The Speywood Laboratory Limited
 ; TITLE OF INVENTION: Recombinant Toxin Fragments
 ; FILE REFERENCE: 1581.0130003
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/241,596
 ; CURRENT FILING DATE: 2002-09-12
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/225,829
 ; PRIOR FILING DATE: 1999-02-23
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/242,689
 ; PRIOR FILING DATE: 1999-02-23
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB97/02273
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-08-22
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/782,893
 ; PRIOR FILING DATE: 1996-12-27
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9625996.5
 ; PRIOR FILING DATE: 1996-12-13
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9617671.4
 ; PRIOR FILING DATE: 1996-08-23
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 175
 ; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
 ; SEQ ID NO 141
 ; LENGTH: 1315

```

; TYPE: prt
; ORGANISM: Clostridium tetani
US-10-241-596-141

```

```

Query Match          99.8%; Score 2451; DB 26; Length 1315;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 3e-220;
Matches 462; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```

```

QY 2 VFSPPIPFPSYKNDLCWVDNEEDIDVILKSKSTILNDINNDIISDISGFNSSVITPPDAQ 61
   |||||
DB 854 VFSPPIPFPSYKNDLCWVDNEEDIDVILKSKSTILNDINNDIISDISGFNSSVITPPDAQ 913
   |||||
QY 62 LVPNGINCAIHLVNNESSEVIVHKAMDIEYNMFENFTVSFMLRVKVSASHLEQGTNE 121
   |||||
DB 914 LVPNGINCAIHLVNNESSEVIVHKAMDIEYNMFENFTVSFMLRVKVSASHLEQGTNE 973
   |||||
QY 122 YSIISMKKHSLSISGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVF 181
   |||||
DB 974 YSIISMKKHSLSISGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVF 1033
   |||||
QY 182 ITITNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKDRCNNNNNOYVSIDKFRIFC 241
   |||||
DB 1034 ITITNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKDRCNNNNNOYVSIDKFRIFC 1093
   |||||
QY 242 KALNPKETIKLTSYITFLRDFWGNPLRYDEYLLIPVASSSKDYOALKNTIDMYLTN 301
   |||||
DB 1094 KALNPKETIKLTSYITFLRDFWGNPLRYDEYLLIPVASSSKDYOALKNTIDMYLTN 1153
   |||||
QY 302 AASYTGKLNITYRRLYNGLKFTIKRYTPNNEIDSEFKSGDFIKLYSVNNNEHIVGPK 361
   |||||
DB 1154 AASYTGKLNITYRRLYNGLKFTIKRYTPNNEIDSEFKSGDFIKLYSVNNNEHIVGPK 1213
   |||||
QY 362 DGNAFNNLDRLIRLVGNAPGIPLYKMEAVKLDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGHNG 421
   |||||
DB 1214 DGNAFNNLDRLIRLVGNAPGIPLYKMEAVKLDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGHNG 1273
   |||||
QY 422 QIGNDPNRDILASNMVFNHLKDKIIGCDMYEVPTEDEGWTND 463
   |||||
DB 1274 QIGNDPNRDILASNMVFNHLKDKIIGCDMYEVPTEDEGWTND 1315
   |||||

```

RESULT 7

```

US-09-791-537-117345
; Sequence 117345, Application US/09791537
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Bionomix, Inc.
; APPLICANT: Debe, Derek
; APPLICANT: Danzer, Joseph
; TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY MEMB
; FILE REFERENCE: 261/210
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
; CURRENT FILING DATE: 2001-02-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 117345
; LENGTH: 452
; TYPE: prt
; ORGANISM: pdb 1AF9
US-09-791-537-117345

```

```

Query Match          97.4%; Score 2393; DB 21; Length 452;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1.6e-215;
Matches 451; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```

```

QY 13 KNDCWVDNEEDIDVILKSKSTILNDINNDIISDISGFNSSVITPPDAQVPGINGKAIH 72
   |||||
DB 2 KNDCWVDNEEDIDVILKSKSTILNDINNDIISDISGFNSSVITPPDAQVPGINGKAIH 61
   |||||
QY 73 LVNNESSEVIVHKAMDIEYNDMNNFTVSFMLRVKVSASHLEQGTNEYYSIISMKKHS 132
   |||||
DB 62 LVNNESSEVIVHKAMDIEYNDMNNFTVSFMLRVKVSASHLEQGTNEYYSIISMKKHS 121
   |||||

```

```

QY 133 LSIISGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVFITITNDRLSSA 192
   |||||
DB 122 LSIISGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVFITITNDRLSSA 181
   |||||
QY 193 NLVINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKDRCNNNNNOYVSIDKFRIFCKALNPKETIKL 252
   |||||
DB 182 NLVINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKDRCNNNNNOYVSIDKFRIFCKALNPKETIKL 241
   |||||
QY 253 YTSYLSITFLRDFWGNPLRYTEYLLIPVASSSKDYOALKNTIDMYLNPASTNGKLN 312
   |||||
DB 242 YTSYLSITFLRDFWGNPLRYTEYLLIPVASSSKDYOALKNTIDMYLNPASTNGKLN 301
   |||||
QY 313 YRRLYNGLKFTIKRYTPNNEIDSEFKSGDFIKLYSVNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRI 372
   |||||
DB 302 YRRLYNGLKFTIKRYTPNNEIDSEFKSGDFIKLYSVNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRI 361
   |||||
QY 373 LRVGNAPGIPLYKMEAVKLDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGHNGQIGNDPNRDIL 432
   |||||
DB 362 LRVGNAPGIPLYKMEAVKLDLKTYSVOLKLYDDKNASLGLVGHNGQIGNDPNRDIL 421
   |||||
QY 433 IASNMVFNHLKDKIIGCDMYEVPTEDEGWTND 463
   |||||
DB 422 IASNMVFNHLKDKIIGCDMYEVPTEDEGWTND 452
   |||||

```

RESULT 8

```

US-09-594-985A-11
; Sequence 11, Application US/09594985A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Barbers-Guilllem, Emilio
; APPLICANT: Nelson, M. Bud
; TITLE OF INVENTION: Vaccine formulations and methods for immunizing an
; FILE REFERENCE: B-25nd
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/594,985A
; CURRENT FILING DATE: 2000-09-12
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/139,521
; PRIOR FILING DATE: 1999-06-16
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
; SOFTWARE: WordPerfect
; SEQ ID NO 11
; LENGTH: 661
; TYPE: prt
; ORGANISM: Artificial sequence
; FEATURE:
; NAME/KEY:
; LOCATION:
; OTHER INFORMATION: synthesized
US-09-594-985A-11

```

```

Query Match          97.2%; Score 2387.5; DB 19; Length 661;
Best Local Similarity 95.2%; Pred. No. 9.8e-215;
Matches 453; Conservative 2; Mismatches 2; Indels 19; Gaps 1;

```

```

QY 7 IPFYS-----KNDCWVDNEEDIDVILKSKSTILNDINNDIISDI 47
   ||:|
DB 186 VPFRRSGSGVWDLFSPNGLEKNKNDLCWVDNEEDIDVILKSKSTILNDINNDIISDI 245
   |||||
QY 48 SGFNSSVITPPDAQVPGINGKAIHLVNNESSEVIVHKAMDIEYNMFENFTVSFMLRV 107
   |||||
DB 246 SGFNSSVITPPDAQVPGINGKAIHLVNNESSEVIVHKAMDIEYNMFENFTVSFMLRV 305
   |||||
QY 108 KVSASHLEQGTNEYYSIISMKKHSLSISGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDL 167
   |||||
DB 306 KVSASHLEQGTNEYYSIISMKKHSLSISGWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDL 365
   |||||
QY 168 PKFNAYLANKWVFITITNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKDRCNN 227
   |||||
DB 366 PKFNAYLANKWVFITITNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGLCAIRDNNITLKDRCNN 425
   |||||
QY 228 NNQOYSIDKFRIFCKALNPKETIKLTSYITFLRDFWGNPLRYDEYLLIPVASSSKD 287
   |||||
DB 426 NNQOYSIDKFRIFCKALNPKETIKLTSYITFLRDFWGNPLRYDEYLLIPVASSSKD 485
   |||||

```

QY 288 VOLKNTDYMFLNAPSYTNGKLNYYRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLY 347
DB 486 VOLKNTDYMFLNAPSYTNGKLNYYRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLY 545
QY 348 VSYNNHHIYGPDPGAFNNLDRILRVGYNAPGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYD 407
DB 546 VSYNNHHIYGPDPGAFNNLDRILRVGYNAPGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYD 605
QY 408 DKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDLILASNMWFNLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 463
DB 606 DKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDLILASNMWFNLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 661

RESULT 9
US-09-594-985A-10
; Sequence 10, Application US/0954985A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Barbara-Guillem, Emilio
; APPLICANT: Nelson, M. Bud
; TITLE OF INVENTION: Vaccine formulations and methods for immunizing an
; TITLE OF INVENTION: Individual against shed antigen-specific B cells
; FILE REFERENCE: B-25np
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/594,985A
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-12
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/139,521
; PRIOR FILING DATE: 1999-06-16
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 21
; SOFTWARE: Wordperfect
; SEQ ID NO 10
; LENGTH: 453
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Clostridium tetani
US-09-594-985A-10

Query Match 97.1% Score 2385; DB 19; Length 453;
Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 9.4e-215;
Matches 450; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

QY 13 KULDCWVNEEDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITTPDAQVPGINGKAH 72
DB 3 KULDCWVNEEDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITTPDAQVPGINGKAH 62
QY 73 LVNNSSEVIVKAMDIEYNDMFNFTVSFWLRVPRVSAHLEQGTNEYSISSMKHS 132
DB 63 LVNNSSEVIVKAMDIEYNDMFNFTVSFWLRVPRVSAHLEQGTNEYSISSMKHS 122
QY 133 LSIGGSWSYSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVFTTTNDRLSA 192
DB 123 LSIGGSWSYSLKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVFTTTNDRLSA 182
QY 193 NLYINGVLMGSAEITGLCAIREDNNITTLKDRCONNNNOYVSIDKFRIFCKALNPKEIEKL 252
DB 183 NLYINGVLMGSAEITGLCAIREDNNITTLKDRCONNNNOYVSIDKFRIFCKALNPKEIEKL 242
QY 253 YTSYLSITFLRPFMGNPLRYDEYYLIPVASSSKDVOLKNITDYMFLNAPSYTNGKLN 312
DB 243 YTSYLSITFLRPFMGNPLRYDEYYLIPVASSSKDVOLKNITDYMFLNAPSYTNGKLN 302
QY 313 YRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLYVSYNNHHIYGPDPGAFNNLDR 372
DB 303 YRRLYNGLKFIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLYVSYNNHHIYGPDPGAFNNLDR 362
QY 373 LRVGNAGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYDDKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDL 432
DB 363 LRVGNAGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYDDKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDL 422
QY 433 IASNMWFNLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 463
DB 423 IASNMWFNLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 453

US-09-791-537-49098
; Sequence 49098, Application US/09791537
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Biomix, Inc.
; APPLICANT: Debe, Derek
; APPLICANT: Danzer, Joseph
; TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY ME
; TITLE OF INVENTION: METHODS OF USE THEREOF
; FILE REFERENCE: 261/210
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
; PRIOR FILING DATE: 2001-02-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 49098
; LENGTH: 469
; TYPE: PRT
; ORGANISM: pdb 1D0HA
US-09-791-537-49098

Query Match 95.6% Score 2349; DB 21; Length 469;
Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 2.4e-211;
Matches 444; Conservative 1; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 19 VNEEDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITTPDAQVPGINGKAHILVNNES 78
DB 25 VNEEDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITTPDAQVPGINGKAHILVNNES 84
QY 79 SEVIVKAMDIEYNDMFNFTVSFWLRVPRVSAHLEQGTNEYSISSMKHSLSIGSG 138
DB 85 SEVIVKAMDIEYNDMFNFTVSFWLRVPRVSAHLEQGTNEYSISSMKHSLSIGSG 144
QY 139 MVSLSKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVFTTTNDRLSANLYING 198
DB 145 MVSLSKGNLIMTLKDSAGEVROITFRDLPDKFNAYLANKWVFTTTNDRLSANLYING 204
QY 199 VLMGSAEITGLCAIREDNNITTLKDRCONNNNOYVSIDKFRIFCKALNPKEIEKL 258
DB 205 VLMGSAEITGLCAIREDNNITTLKDRCONNNNOYVSIDKFRIFCKALNPKEIEKL 264
QY 259 ITFLRDFMGNPLRYDEYYLIPVASSSKDVOLKNITDYMFLNAPSYTNGKLNYYRRLY 318
DB 265 ITFLRDFMGNPLRYDEYYLIPVASSSKDVOLKNITDYMFLNAPSYTNGKLNYYRRLY 324
QY 319 NGKFLIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLYVSYNNHHIYGPDPGAFNNLDRILRVGYN 378
DB 325 NGKFLIKRYTPNNEIDSFVKSDFIKLYVSYNNHHIYGPDPGAFNNLDRILRVGYN 384
QY 379 APGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYDDKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDLILASNM 438
DB 385 APGIPLYKKMEAVKRLDKTYSVOLKLYDDKNASLGLVTHNGQIGNDPNRDLILASNM 444
QY 439 FNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 463
DB 445 FNHLKDKILGCDWYFVPTDEGWTND 469

RESULT 11
US-09-791-537-49588
; Sequence 49588, Application US/09791537
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Biomix, Inc.
; APPLICANT: Danzer, Joseph
; APPLICANT: Debe, Derek
; TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY ME
; TITLE OF INVENTION: METHODS OF USE THEREOF
; FILE REFERENCE: 261/210
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
; PRIOR FILING DATE: 2001-02-22
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
; SEQ ID NO 49588
; LENGTH: 444
; TYPE: PRT

ORGANISM: pdb 1DFQA
US-09-791-537-49588

Query Match 95.6%; Score 2348; DB 21; Length 444;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2,76-211;
Matches 444; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 20 DNEEDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSS 79
DB 1 DNEEDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSS 60
QY 80 EYIVKAMDIENDMENNFTVSFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 139
DB 61 EYIVKAMDIENDMENNFTVSFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 120
QY 140 SVSLGNNLIWTLKDSAGEVROITFRDLDPKFNAYLANKWVFITITNDRLSANLYNGV 199
DB 121 SVSLGNNLIWTLKDSAGEVROITFRDLDPKFNAYLANKWVFITITNDRLSANLYNGV 180
QY 200 LMGSAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNOYVSIDKFRIFECALNPEIEKLYSTLSI 259
DB 181 LMGSAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNOYVSIDKFRIFECALNPEIEKLYSTLSI 240
QY 260 TELRDWGNPLRYDTEYYLLIPVASSKDVOLKNTDYMVLTNAPSYNGKLNYYRRLYN 319
DB 241 TELRDWGNPLRYDTEYYLLIPVASSKDVOLKNTDYMVLTNAPSYNGKLNYYRRLYN 300
QY 320 GKFIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYN 379
DB 301 GKFIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYN 360
QY 380 PGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDKNASLGVLGTNGOIGNDPNRDIILASWYF 439
DB 361 PGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDKNASLGVLGTNGOIGNDPNRDIILASWYF 420
QY 440 NHLKDKILGDMYFVPTDEGWTND 463
DB 421 NHLKDKILGDMYFVPTDEGWTND 444
```

RESULT 12
US-09-791-537-49595
Sequence 49595, Application US/09791537
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Bionomix, Inc.
APPLICANT: Debe, Derek
TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY MEMB
FILE REFERENCE: 261/210
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
CURRENT FILING DATE: 2001-02-22
NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
SOFTWARE: PatentIn version 3.0
SEQ ID NO 49595
LENGTH: 441
TYPE: PRT
ORGANISM: pdb 1DLIA
US-09-791-537-49595

Query Match 94.9%; Score 2331; DB 21; Length 441;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 1,1e-209;
Matches 441; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 23 EDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSS 82
DB 1 EDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSS 60
QY 83 VHKAMDIENDMENNFTVSFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 142
DB 61 VHKAMDIENDMENNFTVSFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 120
QY 143 LKGNLIWTLKDSAGEVROITFRDLDPKFNAYLANKWVFITITNDRLSANLYNGV 202
```

```
DB 121 LKGNLIWTLKDSAGEVROITFRDLDPKFNAYLANKWVFITITNDRLSANLYNGV 180
QY 203 SAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNOYVSIDKFRIFECALNPEIEKLYSTLSIFL 262
DB 181 SAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNOYVSIDKFRIFECALNPEIEKLYSTLSIFL 240
QY 263 RDEWGNPLRYDTEYYLLIPVASSKDVOLKNTDYMVLTNAPSYNGKLNYYRRLYN 322
DB 241 RDEWGNPLRYDTEYYLLIPVASSKDVOLKNTDYMVLTNAPSYNGKLNYYRRLYN 300
QY 323 FIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYN 382
DB 301 FIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYN 360
QY 383 PLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDKNASLGVLGTNGOIGNDPNRDIILASWYF 442
DB 361 PLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDKNASLGVLGTNGOIGNDPNRDIILASWYF 420
QY 443 KDKILGDMYFVPTDEGWTND 463
DB 421 KDKILGDMYFVPTDEGWTND 441
```

RESULT 13
US-09-791-537-49589
Sequence 49589, Application US/09791537
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Bionomix, Inc.
APPLICANT: Debe, Derek
TITLE OF INVENTION: THREE DIMENSIONAL STRUCTURES OF PROTEIN FAMILIES AND FAMILY ME
FILE REFERENCE: 261/210
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/791,537
CURRENT FILING DATE: 2001-02-22
NUMBER OF SEQ ID NOS: 153055
SOFTWARE: PatentIn version 3.0
SEQ ID NO 49589
LENGTH: 441
TYPE: PRT
ORGANISM: pdb 1DLIA
US-09-791-537-49589

Query Match 94.7%; Score 2327; DB 21; Length 441;
Best Local Similarity 99.8%; Pred. No. 2,6e-209;
Matches 440; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 23 EDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSS 82
DB 1 EDIDVILKSTILNDINDIISDISGFNSVITYTPDAQLVPGINGKAHLVNNSS 60
QY 83 VHKAMDIENDMENNFTVSFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 142
DB 61 VHKAMDIENDMENNFTVSFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSLSIGSGW 120
QY 143 LKGNLIWTLKDSAGEVROITFRDLDPKFNAYLANKWVFITITNDRLSANLYNGV 202
DB 121 LKGNLIWTLKDSAGEVROITFRDLDPKFNAYLANKWVFITITNDRLSANLYNGV 180
QY 203 SAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNOYVSIDKFRIFECALNPEIEKLYSTLSIFL 262
DB 181 SAEITGLAIRDNNTTLKIDRCNNNOYVSIDKFRIFECALNPEIEKLYSTLSIFL 240
QY 263 RDEWGNPLRYDTEYYLLIPVASSKDVOLKNTDYMVLTNAPSYNGKLNYYRRLYN 322
DB 241 RDEWGNPLRYDTEYYLLIPVASSKDVOLKNTDYMVLTNAPSYNGKLNYYRRLYN 300
QY 323 FIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYN 382
DB 301 FIIRKRYTPNNEIDSPVKSDFIKLYVSYNNNEHIVGPKDGNAFNNLDRLRVGYN 360
QY 383 PLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDKNASLGVLGTNGOIGNDPNRDIILASWYF 442
```

Db 361 PLYKMEAVKRLDRTKYSVQLKLYDDKNAISGLVGTNGOIGNDPNRDLIASNWFNHL 420
QY 443 KDKILGCDWYFVPTDEGMTND 463
Db 421 KDKILGCDWYFVPTDEGMTND 441

RESULT 14

US-09-831-050-3
Sequence 3, Application US/09831050
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: SHONE, Clifford Charles
APPLICANT: SUTTON, John Mark
APPLICANT: HALLIS, Bassam
APPLICANT: SILMAN, Nigel
TITLE OF INVENTION: Delivery of Superoxide Dismutase to Neuronal Cells
FILE REFERENCE: 1581.080000
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/831,050
CURRENT FILING DATE: 1999-11-05
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB99/03699
NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
SEQ ID NO 3
LENGTH: 1067
TYPE: PRF
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence:construct
US-09-831-050-3

Query Match 26.6%; Score 653.5; DB 22; Length 1067;
Best Local Similarity 33.1%; Pred. No. 2.6e-51;
Matches 163; Conservative 88; Mismatches 159; Indels 83; Gaps 18;

QY 4 STPIPSYSKNDLCWVNDNEDIDVILK-----KSTIINLDINDNDIISDGFSSVITY 57
Db 617 STDIPOLSK-----YVDNORLLSTFEYIKNIINISILNLRSHSLDLSRYASKINIG 672
QY 58 PDAQVPGINGKAHILVNNSESEVIVHKAMDIYNDMFNNFVSFWLRPK-----VSASH 113
Db 673 SKVNDP-IDKNQIOLFLNLESSKIEVILKNAIVNSMWFNSTFWIRIPKFNISILN- 730
QY 114 LEQYGTNEYSIISMKKHSLSIGSGWSYSLKGNLWTLKDSAGEVQITPR-----DLP 168
Db 731 -----NEYTIINCMEVN-----SGMKVSLNYGEIITWLOTOEIKQRYVFKYSQMINIS 779
QY 169 DFNAYLANKNWFTITNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGAIREDNNITLTKIDRCNNN 228
Db 780 D-----YI-NRWIEFTITNNRLNNSKIYINGRLIDOKPISNLGNHASNNTIMEFKIDGCRDT 834
QY 229 NOYVSIKFRIFCKALNPKETIEKLYTSITFLRDFWGNPLRDTLEYLIPVASSSKDV 288
Db 835 HRYIMIKYFNLFDKELNEKEIKDLYNOSNGILKDFWGDYLDYDKRYVMLNLYDPNKYV 894
QY 289 QLNK--ITDYMYLTNAPSYTNGKLNLYR-RLYNGLKFIKRYTPNNEIDSEFKSGDFTK 345
Db 895 DVANNVIGIRGYMYL-KGPRGSVMTTNLYNLSLRYGTKEFIKKYASGNK-DNIVRRNDRYV 952
QY 346 LLYSYNNNEHIYVPRKDGNAFNLDRLIRVGNAPGIPLYKMEAVKLRDLK----- 397
Db 953 INVYVKNKEY-----RLATNASOAGVEKILSALTEIPDYGNLSQVYV 994
QY 398 -----TYSVOLKLYDDKNAISGLVGTNGOIGNDPNRDLIASNWFNHLK--DKIL 447
Db 995 KSKNDGITNCKKMLQDNGNDIGFIGH--QFNNTIAK---LVASNNYNRQIERSSRTL 1049
QY 448 GCDWYFVPTDEGM 460
Db 1050 GCSWEFIPVDGM 1062

RESULT 15

US-09-831-050-6
Sequence 6, Application US/09831050
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: SHONE, Clifford Charles
APPLICANT: SUTTON, John Mark
APPLICANT: HALLIS, Bassam
APPLICANT: SILMAN, Nigel
TITLE OF INVENTION: Delivery of Superoxide Dismutase to Neuronal Cells
FILE REFERENCE: 1581.080000
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/831,050
CURRENT FILING DATE: 1999-11-05
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB99/03699
NUMBER OF SEQ ID NOS: 11
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
SEQ ID NO 6
LENGTH: 1092
TYPE: PRF
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: Description of Artificial Sequence:construct
US-09-831-050-6

Query Match 26.6%; Score 653.5; DB 22; Length 1092;
Best Local Similarity 33.1%; Pred. No. 2.7e-51;
Matches 163; Conservative 88; Mismatches 159; Indels 83; Gaps 18;

QY 4 STPIPSYSKNDLCWVNDNEDIDVILK-----KSTIINLDINDNDIISDGFSSVITY 57
Db 642 STDIPOLSK-----YVDNORLLSTFEYIKNIINISILNLRSHSLDLSRYASKINIG 697
QY 58 PDAQVPGINGKAHILVNNSESEVIVHKAMDIYNDMFNNFVSFWLRPK-----VSASH 113
Db 698 SKVNDP-IDKNQIOLFLNLESSKIEVILKNAIVNSMWFNSTFWIRIPKFNISILN- 755
QY 114 LEQYGTNEYSIISMKKHSLSIGSGWSYSLKGNLWTLKDSAGEVQITPR-----DLP 168
Db 756 -----NEYTIINCMEVN-----SGMKVSLNYGEIITWLOTOEIKQRYVFKYSQMINIS 804
QY 169 DFNAYLANKNWFTITNDRLSSANLYINGVLMGSAEITGAIREDNNITLTKIDRCNNN 228
Db 805 D-----YI-NRWIEFTITNNRLNNSKIYINGRLIDOKPISNLGNHASNNTIMEFKIDGCRDT 859
QY 229 NOYVSIKFRIFCKALNPKETIEKLYTSITFLRDFWGNPLRDTLEYLIPVASSSKDV 288
Db 860 HRYIMIKYFNLFDKELNEKEIKDLYNOSNGILKDFWGDYLDYDKRYVMLNLYDPNKYV 919
QY 289 QLNK--ITDYMYLTNAPSYTNGKLNLYR-RLYNGLKFIKRYTPNNEIDSEFKSGDFTK 345
Db 920 DVANNVIGIRGYMYL-KGPRGSVMTTNLYNLSLRYGTKEFIKKYASGNK-DNIVRRNDRYV 977
QY 346 LLYSYNNNEHIYVPRKDGNAFNLDRLIRVGNAPGIPLYKMEAVKLRDLK----- 397
Db 978 INVYVKNKEY-----RLATNASOAGVEKILSALTEIPDYGNLSQVYV 1019
QY 398 -----TYSVOLKLYDDKNAISGLVGTNGOIGNDPNRDLIASNWFNHLK--DKIL 447
Db 1020 KSKNDGITNCKKMLQDNGNDIGFIGH--QFNNTIAK---LVASNNYNRQIERSSRTL 1074
QY 448 GCDWYFVPTDEGM 460
Db 1075 GCSWEFIPVDGM 1087

Search completed: December 1, 2002, 11:30:35
Job time : 285 secs

GenCore version 5.1.3
Copyright (c) 1993 - 2002 CompuGen Ltd.

OM protein - protein search, using sw model

Run on: December 1, 2002, 11:22:12 ; Search time 31 Seconds

(without alignments)
903.924 Million cell updates/sec

Title: US-09-816-467-2

Sequence: 1 MWFSTPIPSYSKNDLDCWVD.....DKILGCDWYFPTDEGWTND 463

Scoring table: BLOSUM62

Gapop 10.0 , Gapext 0.5

Searched: 190449 seqs, 60521919 residues

Total number of hits satisfying chosen parameters: 190449

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 200000000

Post-processing: Minimum Match 0%

Maximum Match 100%

Listing first 45 summaries

Database : Pending_Patents_AA_New:*
1: /cgn2_6/ptodata/1/paa/PC/NEW.COMB.pep.*
2: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US06_NEW.COMB.pep.*
3: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US07_NEW.COMB.pep.*
4: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US08_NEW.COMB.pep.*
5: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US09_NEW.COMB.pep.*
6: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US10_NEW.COMB.pep.*
7: /cgn2_6/ptodata/1/paa/US60_NEW.COMB.pep.*

Pred. NO. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES

Result No.	Score	Query Match	Length	ID	Description
1	124	5.0	976	1	PCT-US02-05068-98
2	110.5	4.5	2852	1	PCT-US02-34452-14
3	108.5	4.4	912	6	US-10-092-411A-2993
4	107.5	4.4	1015	5	US-09-134-000C-6204
5	107.5	4.4	1749	5	US-09-640-419C-28
6	107	4.4	22	5	US-09-865-294A-5
7	104	4.2	476	5	US-09-733-524A-5
8	103.5	4.2	565	5	US-09-403-343B-20
9	102	4.2	699	6	US-10-092-411A-4054
10	100	4.1	455	6	US-10-092-411A-3242
11	100	4.1	557	6	US-10-125-923A-326
12	100	4.1	557	6	US-10-205-892-326
13	100	4.1	557	6	US-10-174-575-326
14	100	4.1	675	6	US-10-264-213-136
15	99.5	4.1	813	5	US-09-724-676A-80489
16	99.5	4.1	813	5	US-09-724-676A-80489
17	99	4.0	454	5	US-09-733-524A-8
18	98.5	4.0	466	5	PCT-US02-05068-198
19	98.5	4.0	499	1	PCT-US02-32727-22920
20	98	4.0	1151	6	US-10-092-411A-3242
21	97.5	4.0	497	6	US-10-092-411A-5114
22	96	3.9	906	6	US-10-092-411A-3218
23	95.5	3.9	633	5	US-09-724-676A-58417
24	95.5	3.9	633	5	US-09-724-676A-58417
25	95.5	3.9	756	1	PCT-US02-32637-33
26	95.5	3.9	756	6	US-10-270-839-33

27	95	3.9	773	7	US-60-419-401-56	Sequence 56, Appl
28	95	3.9	773	7	US-60-419-401-84	Sequence 84, Appl
29	94.5	3.8	941	5	US-09-989-733-353	Sequence 33, Appl
30	94.5	3.8	941	5	US-09-992-643-353	Sequence 35, Appl
31	94.5	3.8	941	6	US-10-131-813A-464	Sequence 464, Appl
32	94.5	3.8	941	6	US-10-131-813A-464	Sequence 464, Appl
33	94.5	3.8	941	6	US-10-131-813A-464	Sequence 464, Appl
34	94.5	3.8	941	6	US-10-131-824A-464	Sequence 464, Appl
35	94.5	3.8	941	6	US-10-131-824A-464	Sequence 464, Appl
36	94.5	3.8	941	6	US-10-131-829A-464	Sequence 464, Appl
37	94.5	3.8	941	6	US-10-125-926A-464	Sequence 464, Appl
38	94.5	3.8	941	6	US-10-127-829A-464	Sequence 464, Appl
39	94.5	3.8	941	6	US-10-127-831A-464	Sequence 464, Appl
40	94.5	3.8	941	6	US-10-127-835A-464	Sequence 464, Appl
41	94.5	3.8	941	6	US-10-127-837A-464	Sequence 464, Appl
42	94.5	3.8	941	6	US-10-127-842A-464	Sequence 464, Appl
43	94.5	3.8	941	6	US-10-127-850A-464	Sequence 464, Appl
44	94.5	3.8	941	6	US-10-127-901A-464	Sequence 464, Appl
45	94.5	3.8	941	6	US-10-128-689A-464	Sequence 464, Appl

ALIGNMENTS

RESULT 1
PCT-US02-05068-98
Sequence 98, Application PC/TUS0205068
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Diversa Corporation
TITLE OF INVENTION: ENZYMES HAVING ALPHA AMYLASE ACTIVITY
TITLE OF INVENTION: AND METHODS OF USE THEREOF
FILE REFERENCE: 09010-108W01
CURRENT APPLICATION NUMBER: PCT/US02/05068
PRIOR FILING DATE: 2002-02-21
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/270,495
PRIOR FILING DATE: 2001-02-21
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/291,122
PRIOR FILING DATE: 2001-05-14
NUMBER OF SEQ ID NOS: 321
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
SEQ ID NO 98
LENGTH: 976
TYPE: PRT
ORGANISM: Bacterial
PCT-US02-05068-98

Query Match
Best Local Similarity 19.7%; Pred. No. 0.0024;
Matches 106; Conservative 83; Mismatches 149; Indels 200; Gaps 32;

QY	8	PFSYSKNDLDCWVDNEEDIDVILKSTLINDINNDISDSIGFNSVITYTPDAQVPG--	65
DB	51	PFLENATNTNWSKSFIDYLSKVITTVKDVQDVFTKETNKTNVIFELLELPQTY	109
QY	66	-----INKAHLVNNSSEV-----LVKRAMDI---	89
DB	110	TFEVKGEEDLVFSEKKNQIIDEKNNIYVETFPVNGTIVRTIEVDITLYNNYDTISA	169
QY	90	-----EYND-----MFNN-----PTVSFWLRVPRVSAS-----HLEQ	116
DB	170	TLIFKRDYKQOEYEEVPVTLGTSTLTKNELYPGMVTKFEVDLKSADSMLEPKHLE	228
QY	117	YGTNEYSI-ISSMKRHSLSIG-----SGWSVSLKG	145
DB	229	---NEFSIEVLPAKTKSLTFNVVFTVEVPEKLVVFPQIELEPVDPTNLSGEINLELG	285
QY	146	N-NLWTLKDSAGEVRQTERDLPKFNAYLANKWVFI-----TLTN-----DRLS	190
DB	286	NLSMWDSDPNAEP--YVKKLEEQ--GEYL--YEFVGTREKSTYIENFTKQEDKDS	339
QY	191	--SANTLYNGVILMSAEITGLGAIREDN-----NI-----TLKLDRCNNNN	229

```

Db 340 GAIWVANG-----KESGLVAKKENIKILDESISATINVDNTEKLD-NMYTN 392
Oy 230 QVYSIDKRICKALNPE---IEKLYSYSLITFL-RDFWGNPLRYDTEYLIPVASS 285
Db 393 SSVT---FEVLKKGINSNEYELISOLTONSFSTETGRQFW-----DLKLTIRVANG 443
Oy 286 KDVOLEKNT-DYMYLT-NAPSYNGKLNIRLYNGLKFLIKRYTPNNELDSF---VK 339
Db 444 FESKINEISRODITITSLPLPTSSMTWYTLFTRSYD-----TDCDGVGDFSGVAE 494
Oy 340 SGDFIK-----LVSYNNNEHIGY-----PKDGNAPNNIDRLIRVGNAPGI 362
Db 495 KDYLKSLIGVDITWVLPFKSKSYHGIVDEYDYDEPYGLTDLDMNKKV-LNENGI 551

RESULT 2
PCT-US02-34452-14
Sequence 14, Application PC/TUS0234452
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: INCYTE GENOMICS, INC.
APPLICANT: BAUGHN, Mariah R.
APPLICANT: LEE, Ernestine A.
APPLICANT: ELLIOTT, Vicki S.
APPLICANT: DUGGAN, Brendan M.
APPLICANT: LI, Joana X.
APPLICANT: GRIFFIN, Jennifer A.
APPLICANT: HAFALIA, April J.A.
APPLICANT: DELEGANE, Angelo M.
APPLICANT: LEE, Soo Yeun
APPLICANT: BECHA, Shanya D.
APPLICANT: RAMKUMAR, Jayalaxmi
APPLICANT: KABLE, Amy E.
APPLICANT: MARQUIS, Joseph P.
APPLICANT: GURURAJAN, Rajagopal
APPLICANT: SPRAGUE, William W.
APPLICANT: YANG, Junming
APPLICANT: GIETZEN, Kimberly J.
APPLICANT: ZEBARJADIAN, Yeganeh
APPLICANT: RICHARDSON, Thomas W.
APPLICANT: JACKSON, Alan A.
APPLICANT: JIANG, Xin
TITLE OF INVENTION: VESICLE-ASSOCIATED PROTEINS
FILE REFERENCE: PR-1254 PCT
CURRENT FILING DATE: 2002-10-24
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/347,927
PRIOR FILING DATE: 2001-10-26
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/332,908
PRIOR FILING DATE: 2001-11-13
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/331,865
PRIOR FILING DATE: 2001-11-20
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/342,604
PRIOR FILING DATE: 2001-12-20
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/354,827
PRIOR FILING DATE: 2002-02-06
NUMBER OF SEQ ID NOS: 40
SOFTWARE: PERL Program
SEQ ID NO 14
LENGTH: 2852
TYPE: PRT
ORGANISM: Homo sapiens
FEATURE:
NAME/KEY: misc feature
OTHER INFORMATION: Incyte ID No: 55004585CD1
PCT-US02-34452-14

Query Match 4.5%; Score 110.5; DB 1; Length 2852;
Best Local Similarity 21.1%; Pred. No. 0.26; 171; Indels 185; Gaps 31;
Matches 117; Conservative 82; Mismatches 171; Indels 185; Gaps 31;
Oy 13 KNDQWVDNEDIDV-----ILKSTLIND-----INN-- 41

```

```

Db 90 ESTNCVLDLEKCDITCOAEVMSMFTALKS-IRNLQYCEVGLVEKLGIEKVDNMI 148
Oy 42 -DIISDIGNSSV-ITYDDALV-----PGINKAHLVNNSSSVIHKAMD 88
Db 149 ADLLVMGLAVASYNLVRELKLFESKLOGDKGRWPHAGKLSYL-----KHMP 198
Oy 89 IETN-DMF-----NFTVSFWLRVPRKVSASHLEQYGTNEYSLI 125
Db 199 QYGPDAEFNFPKSAALPLPIAKPYNONGTFPHWLRMDPVNNINVDKDFLYCER 258
Oy 126 SSMKHSLSIGSWSVSLKGNMLTWLTKDSAGEVQITFDNLPDKENAYLANKVFITIT 185
Db 259 TSK-----GLGSAHFVGGCLIVTSIKSKGQFOCV-----KED-FRQKYWATIV 305
Oy 186 N--DRLSANL--YINGVLMGSAETGLGAIREDNNTTLKDRCNNNOVYSIDKRFIC 241
Db 306 HYNRMKNSELRCYVNGELASGEITWF-----VNSDFDKCFGSSFEA-DANVFC 358
Oy 242 -----KALNPKIEKLYTSYL-----STFLRD----- 264
Db 359 GOMTAVYLFSEALNAQIFAIFYOLGLGKTFKPKASDEFLAHHKLLLYDGLSSAIA 418
Oy 265 FWNPLRYDTEYLIPVASSKD-----VOLKNITDYM-YLTNAPSYNGKLN 312
Db 419 FTYNPRATDAQLCL--ESSPKDNPSTVHSPHALMDQVAVLTHSISAMHSIGGVQV 475
Oy 313 YRRLYNGLKFTIKRYTPNNELDSFVSGDFIKLYSYNN-----EH-----ITYGV 360
Db 476 LF-PLYQLDY---ROYLSDTELTCSTLLAFIMESLKNISAMOEOMLACKGLVIGYS 531
Oy 361 KDGNAFNNIDRI---LRGYN-----APGIPLYKKM-EAVKLRDL---RTYSVOLKLY 406
Db 532 LEKSSKSHVSRVLELCFAFSKYSLSNLONGMFLKOLCDHYLNLNPAIVHHPAKVOLMLY 591
Oy 407 DDKNAS-IGLVGTHN 420
Db 592 TDLSTFICTVNIYN 606

RESULT 3
US-10-092-411A-2993
Sequence 2993, Application US/10092411A
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Lynn Doucette-Stamm et al
TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO STAPHYLOCOCC
FILE REFERENCE: 032796-101
CURRENT FILING DATE: 2002-03-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/134,001
PRIOR FILING DATE: 1998-08-13
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/064,964
PRIOR FILING DATE: 1997-11-08
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/055,779
PRIOR FILING DATE: 1997-08-14
NUMBER OF SEQ ID NOS: 5676
SEQ ID NO 2993
LENGTH: 912
TYPE: PRT
ORGANISM: Staphylococcus epidermidis
US-10-092-411A-2993

Query Match 4.4%; Score 108.5; DB 6; Length 912;
Best Local Similarity 19.8%; Pred. No. 0.067; Indels 213; Gaps 30;
Matches 112; Conservative 68; Mismatches 172; Indels 213; Gaps 30;
Oy 18 WVDNEDID---VLKSTLINDINDIISDIGNSSVITYDDALVPGINKAHL 73
Db 164 YNDNXYEVDNSRYTEKRPV---IENKYYEITFRNANDKTSKYERLI-----GYSKHR 216
Oy 74 VNNESEVIVHRANDIEY-----NDM-----FNNFT--VSFWLRVPRKVSASH 113
Db 217 INTNVAVKALMJOISYIGIKANYIINDYELISIRPCEFNFAKILTDL---KLOSNNH 273

```

```

QY 114 LEQYGTNEYSIISSMK-----HSL-----SIGSG-----WSVSLKGNL 148
Db 274 -----NEYKMLKLEFNLHLLDIVLDDDEFNELECSNSSESANININVLRLARY 327
QY 149 IWTLDKDSAGEVROITFDLPDKFNAYLANKWVFTITINDRLSSANLYNGVLMGSAETIG 208
Db 328 ILTKSGANVLRITLFL-----VENNRILRLQLPYN----- 357
QY 209 LGAIREDNNITLKDRCNNNNQVYSIDK--FRIFCKALNPEIEKLTSTYSITF----- 261
Db 358 -----RNKCYKLSNLLDYKCPDQMPETASLKGNP-----NITTLLOCIEYKGREY 406
QY 262 -----LRDFWGNPLKDYETIYIIPVASSKDVOLKNITDYMILTANPSYTNCKLNIYRRLY 318
Db 407 ELLVRRIQKNLTKNKKRY-----TSKEETEOGVVNEL-----IDKYN--NLY----- 449
QY 319 NGLEKFIKRYTPNNEIDSPKSGDFIKLY-----VSINNEHLYGVPKD----- 362
Db 450 -----KHPRELEHSF-----GDKYLYEENQSIIMSTIKILLSNESEGVSNVFEW 498
QY 363 -GNAFNULD-----RILR-----VGYNAPGIP-----LYKK----- 387
Db 499 LNNEYSLDCKEKEILLRNFNSKISMVGAAGTGKSTLINHCNFEYDKDVIYANTN 558
QY 388 -----MEAVKILDKITYVOLKDYDKNNSLGLVGTHNGOIGN-DENRDIILASNWF- 439
Db 559 TAVDNIRKRIKLSNITSTISKFLYNDKERYDLLIDEAGTVSNKDMNR--ILENKQFE 615
QY 440 -----NHLKDKILGCDWYFVPTD 457
Db 616 LLIVGDNYQIESIDEGNMFELAKD 640

```

RESULT 4

```

US-09-134-000C-6204
Sequence 6204, Application US/09134000C
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Lynn Doucette-Stamm et al
TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO
FILE OF INVENTION: ENTEROCOCCUS FAECALIS FOR DIAGNOSTICS AND THERAPEUTICS
FILE REFERENCE: 032796-032
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/134,000C
CURRENT FILING DATE: 1998-08-13
PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/055,778
PRIOR FILING DATE: 1997-08-15
NUMBER OF SEQ ID NOS: 6812
SOFTWARE: PatentIn version 3.1
SEQ ID NO 6204
LENGTH: 1015
TYPE: PRY
ORGANISM: Enterococcus faecalis
US-09-134-000C-6204

```

```

Query Match 4.4%; Score 107.5; DB 5; Length 1015;
Best Local Similarity 18.4%; Pred. No. 0.099;
Matches 88; Conservative 81; Mismatches 153; Indels 155; Gaps 24;

```

```

QY 41 NDIIS-DISGNSSVITPPDAQVPGINGKAIHLVNNESSEVIYKRAMDIEYN----- 92
Db 254 NQVLSKEDSTNOALVDY-----VOKISNEATE--LDQTNKKEFNRSYIWLPL 298
QY 93 -----DMEFNFTVSFWLVPKVSASHLEOYGTNEYSIISSMKKHSIST----- 135
Db 299 EPGNTPSADLTITQTT-----KLOKLALA-----YGTGSGTLVQDDKLAATIIDGLDFMWTQ 349
QY 136 -----GSGW-----SVSLKGNLITWTKDSAGEVROITFRD-----LPPKEN----- 172
Db 350 KGVDGKKYHGMMDMQIGVPGKFLNIIIMLEDKYSPKQOYITNALSIVDPDFQOLYTK 409
QY 173 -----ATLANKWVFTITINDRLSSANLYNGVLMGSAETIGLGAIRDNNTILKIDR 224
Db 410 PGTEVDLAETIPN-----FVTSKANRTDLA-----LTVLGIGILQKDSG--KINQ 452

```

```

QY 225 CANNNOVSIKDFRICKALNPEIEKLYTSYITFLRDFWGNPLRYDREYILIPVASS 284
Db 453 ASSS-----IVDFEKLTKGDFEYO--DGSEFIOHNNIPYTGSY--GNVLVKGVOILLATADS 506
QY 285 SKDVOLKNITDYN-----YLTNAPSTNCKLNIIYRLYNGL 321
Db 507 SPQOMALVTTEVENVDRAFLPLITYGEMLPYVNGRSISRAPAV--GKTYGSGTMYNL 564
QY 322 KTIKRYTPNNEIDSPKSGDFIKLYVSNNNEHIVGPKDGNAPNLDRLRY----- 375
Db 565 -----IVAKFAPNNYQKKEQEA-----VKYWMKENPDIYLLNADFNLOQMTMOLLTPET 615
QY 376 -GYNAP--GIPLYKKEAVKRLDKITYVOLKDYDKNNSLGLVGTHNGOIGDNP 429
Db 616 TGGQLPFTGTCKLYASMDRFVR--TPSYMGLGLYSKRITASF-----EAGNKENK 663

```

RESULT 5

```

US-09-640-419C-28
Sequence 28, Application US/09640419C
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Bidney, Dennis L
APPLICANT: Crasta, Oswald R
APPLICANT: Hu, Xu
APPLICANT: Lu, Guohua
TITLE OF INVENTION: DEFENSE-RELATED SIGNALING GENES AND METHODS OF USE
FILE REFERENCE: 35718/199009 (5718-92)
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/640,419C
CURRENT FILING DATE: 2000-08-17
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/149,656
PRIOR FILING DATE: 1999-08-18
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/206,405
NUMBER OF SEQ ID NOS: 28
SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
SEQ ID NO 28
LENGTH: 1749
TYPE: PRY
ORGANISM: Synechocystis PCC6803
US-09-640-419C-28

```

```

Query Match 4.4%; Score 107.5; DB 5; Length 1749;
Best Local Similarity 20.6%; Pred. No. 0.23;
Matches 99; Conservative 72; Mismatches 165; Indels 125; Gaps 24;

```

```

QY 19 VDNEDIDVILKKSITILN--LDI--NDIISDISGNSV--ITYPDAQV----- 63
Db 1245 IDDERQISFDERSTVNTPSLEIQSDTPVPGINTFSANVGNIPTNOVVLQOQLENVE 1304
QY 64 PGJNGK-AIHLVNNESSEVI--YKRAMDIEYNDMNNTVSFWLVPKVSASHLEOYGTN 120
Db 1305 ESISAQFTSHNLNIDIELVAPVDVLOELNLTGVSALVYIFYFPPTAGENLP----- 1359
QY 121 EYSIISSMKKHSISIGGSWSYSLKGNLITWTKDSAGEVROITFDLPDKFNAYLANKW 180
Db 1360 EMOLSDSEPAIPVGVYAKVS-----HMQMASTEOLI-----IPNNDPRDDQLV 1406
QY 181 FITTINDRLSSANLYNGVLMGSAETIGLGAIRDNNTILKIDRCNNNNQY--VSIDKFR 238
Db 1407 IYVVTADGIASP--IPLN-----VSRREVIRQVEMLRNLTANRGDNVQOGASQLYD 1457
QY 239 IFCK-----ALNPEIEKLYTSYITFLRDFWGNPLRDRDTEY-----YLIPVASS--K 286
Db 1458 WFIKPIKILLENKIE-----NISFLDRGLSLPMAIWDROSQOYLIEDYSVGLMP 1510
QY 287 DVOLKNITDYMILTANPSYTN-----KLNIYRRLYNGLEKFIKRYTPN 331
Db 1511 SLSLTN-RDYAPLTAQOILAMGAEEFANQNDPLPAAYAEVDITITQNMGSAFLNDRFT-- 1567
QY 332 NEIDSPVKS-----GDFIKLYSVYNNNEHIVGPKDGNAPNLDRLRYGV 377
Db 1568 --VDNFOVSLATKEYRLVHLATHGELP--GNRNNSEFVFSDRS--LDLDEFANGL 1618

```

```

QY 378 NAGPIPLYKKMEAVKLRDLKTYVOLKLYDDKKNASLGLVGHNGQIGNDPNDLLIASNM 437
Db 1619 DKP-----IDLMTLSACRTAVGDFDDELGFAG-----LAVKGTGKTAIGSLW 1660
QY 438 Y 438
Db 1661 Y 1661

RESULT 6
US-09-865-294A-4
; Sequence 4, Application US/09865294A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Wang, Chang Yi
; TITLE OF INVENTION: Immunogenic peptide composition as vaccines for the prevention an
; FILE OF INVENTION: Alzheimer's Disease
; FILE REFERENCE: 1151-4167
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/865,294A
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 77
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 4
; LENGTH: 22
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Clostridium tetani
US-09-865-294A-4

Query Match
Best Local Similarity 100.0%; Score 107; DB 5; Length 22;
Matches 20; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 95 FNNFTVSEWLRVFKVSASHL 114
Db 3 FNNFTVSEWLRVFKVSASHL 22

RESULT 7
US-09-733-524A-5
; Sequence 5, Application US/09733524A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Taylor, Diane E.
; APPLICANT: Ge, Zhongming
; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACIDS ENCODING ALPHA-1,3
; FILE OF INVENTION: FUCOSYLTRANSFERASES AND EXPRESSION SYSTEMS FOR MAKING AND
; FILE REFERENCE: 07254-049002
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/733,524A
; CURRENT FILING DATE: 2000-12-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/092,315
; PRIOR FILING DATE: 1998-06-05
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/048,857
; PRIOR FILING DATE: 1997-06-06
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 27
; SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 4.0
; SEQ ID NO 5
; LENGTH: 476
; TYPE: PRT
; ORGANISM: Helicobacter pylori
US-09-733-524A-5

Query Match
Best Local Similarity 4.2%; Score 104; DB 5; Length 476;
Matches 99; Conservative 65; Mismatches 164; Indels 122; Gaps 25;

QY 1 MYESTPIPESTSKMLDCVWNE-----EDIDVLKSTIINDIINDIISDI-----SG 49
Db 18 MYKSPPEPLKTAIVANWMDKEIKFKSVLYLISQYATLHONPSSDLVFSNPLG 77
QY 50 FNSSVITVPDQOLVGTGKAHILVNNESSEV-IYHKAM--DIEYNDMFNFTVSEWLR 105
Db 78 AAKRTLSQNTK-----RVFTYGENSPNPNLEDAVIGRDELDFNDRY-----LR 122

```

```

QY 106 VPKVAS--HLEQGTENEYSIISSMKKHSLSIGSWSVSLKGN--NLIMTLKDSAGEVRQI 162
Db 123 MFLYLAHLHYEALVNDITAPYKLDKNSLALKKPSHHKKEHPNLCVAVNDESDLLKRG 182
QY 163 TFRDLPKRNAYLANRWVFITITNDRLSSANLYINGVLMGSAETIGLAIRDDNITITKL 222
Db 183 FASFYASNANADPRNAFY-----DALNSIE-----PVYGGGGSVR--NLTGYKV 223
QY 223 DKCNNNNQYVSDIKFRICKALNPK-----ELEKITSYLSITFLRDFMGNPRYDREYLL 278
Db 224 ---GNKSEFLSQYKFNLCPE--NSQGYVYTKRIDAYFSHT--IPIYKSP----- 268
QY 279 IPVASSKDVOLK---NIDYMYLTNA---PSYTNGLMIYRRLYNGLKFTIKRYTPNN 332
Db 269 ---SWAKDFNKSPFNVDNNDPDEAIDYIKYLRHPNAYLDMATE-----NPLN 315
QY 333 ETD-----SPVKSQGFILKYS-----YNNNEHIVCPKPDGNAFNNLRLRYGYNA 379
Db 316 TLDGKAFYQDLSFKKIDLEFFKTIENDTIYHNPPIE-YRDLHEPLISID-LRVNYD- 372
QY 380 PGIPLYKKMEAVKLRDLKTYVOLKLYDD 408
Db 373 -----DLRVNYDRLRVNYDD 387

RESULT 8
US-09-403-343B-20
; Sequence 20, Application US/09403343B
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: JOLIVET-REYNAUD, COLETTE
; APPLICANT: PERRON, HERVE
; APPLICANT: MANDRAND, BERNARD
; TITLE OF INVENTION: POLYPEPTIDE CAPABLE OF REACTING WITH ANTIBODIES OF
; FILE OF INVENTION: PATIENTS SUFFERING FROM MULTIPLE SCLEROSIS AND USES
; FILE REFERENCE: 104574
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/403,343B
; CURRENT FILING DATE: 1999-10-18
; PRIOR APPLICATION NUMBER: FR/97/05679
; PRIOR FILING DATE: 1997-04-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: FR/97/16870
; PRIOR FILING DATE: 1997-12-31
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/FR98/00870
; PRIOR FILING DATE: 1998-04-29
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 34
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 20
; LENGTH: 565
; TYPE: PRT
; ORGANISM: MSRV
US-09-403-343B-20

Query Match
Best Local Similarity 4.2%; Score 103.5; DB 5; Length 565;
Matches 76; Conservative 48; Mismatches 113; Indels 125; Gaps 17;

QY 51 NSSVITVPDQOLVGTGKAHIL-----VNNSESEVYIHKAMDIEYNDMFNFTVSEWLR 105
Db 85 NQEVVTEDELAIHLKKNYKEVSLDSLNLANEISEFVRH-----NNLYVAAAIL 133
QY 106 VPKVASHLDEQGTENEYSIISSMKKHSLSIGSWSVSLKGNLIMTLKDSAGEVRQITFR 165
Db 134 PPG-----EIEQ-----GVTKILLKGNVGETIRLQNH 161
QY 166 DLPKFNAYLANRWVFT--ITNDRLSSANLYIN-----CYLMGSAETIGLAIRDN 216
Db 162 ALSNKFVSRLSNTVTNVTSEFLKDELKFAITINDVPGVNAQLQISAKKVG-----EA 215
QY 217 NITLKDRCNNNNQYVSD-----KFRIFCKALNPKETIKTYTSLSTFLRDFWGN 268
Db 216 NLLKRTINDAKFSSVSVSDNQGKTYGRKLAAGI-----KVSNL-----NGMGD 260
QY 269 PLRYDTEYLLIPVASSSKDVOLKNI--TDYMYLTNAPS-----YTNGLKNIYRRLRYN 319

```

Db 261 ELKLD-----LMSNQANLKNARIDYSSLDGYSTRGVANTYLDYKLGNEFKLSQS 312
 QY 320 -GLKFTIKRY-----TPNNEIDSEFKSGDFTIKLYSYNN-----NEHIVGPKDGNMFN 367
 Db 313 OGHSHLGLAVLHPTIRTPFRIST-----KSFHNLITDQOAVYVYKOKRKIN 362
 QY 368 NL 369
 Db 363 SL 364

RESULT 9
 US-10-092-411A-4054

; Sequence 4054, Application US/10092411A
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Lyn Doucette-Stamm et al
 ; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO STAPHYLOCOCCUS
 ; FILE REFERENCE: 032796-101
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/092,411A
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-03-07
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/134,001
 ; PRIOR FILING DATE: 1998-08-13
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/064,964
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-11-08
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/055,779
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5676
 ; SEQ ID NO 4054
 ; LENGTH: 699
 ; TYPE: PRN
 ; ORGANISM: Staphylococcus epidermidis
 US-10-092-411A-4054

Query Match
 Best Local Similarity 4.2%; Score 102; DB 6; Length 699;
 Matches 90; Conservative 73; Mismatches 184; Indels 122; Gaps 21;

QY 19 VDNEEDIVILKSTIIN-LDINDIT---SDISGFNSSVITTPDAQLVPGINGKAIRHLV 74
 Db 82 VNESNDSTIENSLHETKNEEDL100QRDSQDNKS-----ESVVEQNKKEAEV 134
 QY 75 NNESEVIVKRAMDIEVNDMNFV-----SFWLRVQKVSASHLEQYGTNEYST 124
 Db 135 KKHSEKPOOEVELEKHAENNOQLSHKAAQSNEDVATKESQLNTTAAODEDSQENLS 194
 QY 125 ---ISSMKKHSLSIGSGMSVSLKGNLITWLKDSAGEVROITFERDLPDKFNAYILAN--- 177
 Db 195 KQTOSSKTTDLRATQONOSKDSQSTEVEVKEVKNDOQVYAKNDKQVETFNLSKEE 254
 QY 178 ---KWFVTITNDRLS-----ANLYIGVLMGSAEITGLGAIREDN---NIT 219
 Db 255 PLKVDKQANTTTRKSKNDKSGHDLANESNAVATTNKO--SKQOVSEKNEEDQTKRS 312
 QY 220 LKIDRCNNNNQVYSIDKFIKCALNPKETIKLYSYLSTFLRDFWGNP---LRYDTE- 275
 Db 313 AKOKYKKNNDPILVHGFNGFTDDINP-----SVLHYMGDKMNIRODLEE 359
 QY 276 --YLLPVAASS-----KVOLKNITDYMVL-----TNAPSTNGKLNITYRRLY 318
 Db 360 NGEVEAEASISAGSNTDRAVEL-----YYITGGRVDYGAHAHAKYGERH---YGTKY 410
 QY 319 NGKFTIKRYTPNNEIDSEFKLYSYNNNEHIVGPKDGNMFNNDRLIRAGYN 378
 Db 411 EG---VYKDMKPGOKI-----HLVHSGMKGQITROLEELLRHG-- 445
 QY 379 APGIPLYKKMEANVLELDKITYSVOLKLYDDKNAASLGLVGT-HNGQIGND 426
 Db 446 NPEEVEYQKOHGGEISPLFOGG-----HDNMVSSITTLTGTPHNGTHASD 489

RESULT 10
 US-10-092-411A-3653

; Sequence 3653, Application US/10092411A
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Lyn Doucette-Stamm et al
 ; TITLE OF INVENTION: NUCLEIC ACID AND AMINO ACID SEQUENCES RELATING TO STAPHYLOCOCCUS
 ; FILE REFERENCE: 032796-101
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/092,411A
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-03-07
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/134,001
 ; PRIOR FILING DATE: 1998-08-13
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/064,964
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-11-08
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 60/055,779
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 5676
 ; SEQ ID NO 3653
 ; LENGTH: 455
 ; TYPE: PRN
 ; ORGANISM: Staphylococcus epidermidis
 US-10-092-411A-3653

Query Match
 Best Local Similarity 4.1%; Score 100; DB 6; Length 455;
 Matches 66; Conservative 47; Mismatches 132; Indels 46; Gaps 14;

QY 183 TITNDRLSSANLY---INGVLMGSAET-TGLGAIREDNNTIKLDRCNNNOVYSIDKFR 238
 Db 139 TRINDLAHSGYLHAHLASYLITIDEADIMTDLIEDVDHIARLD---DENHLAV---- 191
 QY 239 IFCKALNPKETEKLYTSLSTFLRDFWGNP-LRYDTEYLLPVAASSKDVOLKNTIDTM 297
 Db 192 --FSATIPKSLQPLPLNKYLSQPEFEVVDGKAHKNKTEFYLLPYTGSAKVDLTLELIDL 249
 QY 298 --YL-----TNAPST--TNGKLNITYRRLYNGL-----KFIKRYTPNNEIDSEFKS 340
 Db 250 NPYLICIFCSRENADLADTLNKEGIKIGMHGGLPREFRKKQCKRI--RLDQGFVYA 307
 QY 341 GDFTKLYSYNNNEHIVG---PKDGNMFNNDRLIRVG---YNAIDPLYKMEAVKLRD 395
 Db 308 SDLASRGIDIEGSHVITFNDPNDIDFTH--RVGRGGRGNVKGVAITLSPDESNITL 365
 QY 396 LKTYSVOLKLYDDKNAASLGLVTHNGQIGNDPNRDLITASWYFNHLKDKI 446
 Db 366 IEDRGYKFEFVNDIKNGELPKLKYNMKRSRQRKDDHL-----NEYKHV 410

RESULT 11

US-10-125-923A-326
 ; Sequence 326, Application US/10125923A
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Baker, Kevin P.
 ; APPLICANT: Chen, Jian
 ; APPLICANT: Desnoyers, Luc
 ; APPLICANT: Goddard, Audrey
 ; APPLICANT: Godowski, Paul J.
 ; APPLICANT: Gurney, Austin L.
 ; APPLICANT: Pan, James
 ; APPLICANT: Smith, Victoria
 ; APPLICANT: Watanabe, Colin K.
 ; APPLICANT: Wood, William I.
 ; APPLICANT: Zhang, Zemin
 ; TITLE OF INVENTION: SECRETED AND TRANSMEMBRANE POLYPEPTIDES AND NUCLEIC
 ; FILE REFERENCE: P3430R1C79
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/125,923A
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-01-15
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 10/052586
 ; PRIOR FILING DATE: 2002-01-15
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059263
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-09-18
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/059266
 ; PRIOR FILING DATE: 1997-09-18
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/062250


```
: Sequence 80489, Application US/09724676
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT: Comugen LTD
: TITLE OF INVENTION: Variants of alternative splicing
: FILE REFERENCE: 129181.4 Comugen
: CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/724,676
: CURRENT FILING DATE: 2000-11-28
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 97222
: SOFTWARE: PatentIn version 3.2
: SEQ ID NO 80489
: LENGTH: 813
: TYPE: PRT
: ORGANISM: Homo sapiens
: US-09-724-676-80489

Query Match          4.1%; Score 99.5; DB 5; Length 813;
Best Local Similarity 19.9%; Pred.No. 0.41;
Matches 96; Conservative 84; Mismatches 175; Indels 127; Gaps 28;

QY 3 FSTPIPE-----SYSKNDQWVNEEDIDVILKSTILNDJNNDIISDI 47
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 235 FAYPMPCDRCWKGLPLSPKQKTFESK---WVPEDLTNPMITVSSFSIKOTIVSDC 290
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 48 S-----GENSSVIT---YP---DAQLVPGIN--GK--AIHLVNNSESEVIV 83
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 291 SFVASLAISAAYERRRRNKKLITGIIPQNKDGE--PEYNPCGYWKVHL-NGVPRKVI 347
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 84 HKAMDIEYND---MENNFTVSFWLRPKVYSASHLEOYGTNEY-SIISMKKHSLSIGSG 138
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 348 DQQLPYDHHGELLCSYSNNKSELM--VSLIEKAYMKVGMGYDEPGSNSNIDLHAL--TG 402
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 139 W---SVSLKGNLIMFLKDSAGEVRQITPFDLPDKFNAYLANKWVFITITNDRLSSANLY 195
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 403 WIPERIAMHSDSOTFS-KDN-----SFRMLYORFH---KGDVLITASTGMTEAGE 450
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 196 INGVLMGSA-----EITGLAIRDN--NITLKLDRCNN--NOYVSIDKFRIFCKA 243
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 451 KMGVLPTHAVALDIREFKGLRFIQLKNPMSHLRMKGRYSENDVKMWTPELOKYLNF--- 507
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 244 LNPKEIEKLYTSLTFLRDFWGNPLRYDTEYLL-----IPVASSSKDVQLKNIT 294
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 508 -DPRTAOKIDNGIEMTIS---WDDLQYYVDVILYSWNPGLFKESTCIHSTWDAKOGPVK 561
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 295 DMYLTNAPSYTNGKLNIIYRRLYNGLKFLIKRYTPNNEIDSEFKSGDFTKLYSYNNNE 354
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 562 DAYSLANNPOY---KLEVOCPGGAAYWVLLSRHITDK--DDEANNREFITMVY-YKTDG 615
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 355 HLYGYPR-----DGNAPNNLDRLILRVGYNAPGIPLYKKMEAVKLRDLKTYSVOLKLYDD 408
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
DB 616 KKYVYPADPPPYIDGIRINSPHYLTFTKILTTPG-----THFTTIVVSOYEK 661
   | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | | |
QY 409 KN 410
   | |
DB 662 QN 663
```

Search completed: December 1, 2002, 11:31:26
Job time : 35 secs

GenCore version 5.1.3
Copyright (c) 1993 - 2002 Compugen Ltd.

OM nucleic - nucleic search, using sw model

Run on: December 1, 2002, 08:59:02 ; Search time 3171 Seconds
(without alignments)
11037.005 Million cell updates/sec

Title: US-09-816-467-3
Perfect score: 1392
Sequence: 1 atgggtttttcaaccacaaat.....aggatgtagacaatgatataa 1392

Scoring table: IDENTITY_NUC
Gapop 10.0 , Gapext 1.0

Searched: 24791104 seqs, 12571243825 residues 49582208

Total number of hits satisfying chosen parameters:

Minimum DB seq length: 0
Maximum DB seq length: 2000000000

Post-processing: Minimum Match 0%
Maximum Match 100%
Listing first 45 summaries

Database :

```

1: /cgn2_6/ptodata/1/pna/PCURS.COMB.seq.*
2: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US06.COMB.seq.*
3: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US07.COMB.seq.*
4: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US08.COMB.seq.*
5: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US081.COMB.seq.*
6: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US082.COMB.seq.*
7: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US083.COMB.seq.*
8: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US084.COMB.seq.*
9: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US085.COMB.seq.*
10: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US086.COMB.seq.*
11: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US087.COMB.seq.*
12: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US088.COMB.seq.*
13: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US089.COMB.seq.*
14: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US090.COMB.seq.*
15: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US091.COMB.seq.*
16: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US092.COMB.seq.*
17: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US093.COMB.seq.*
18: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US094.COMB.seq.*
19: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US095.COMB.seq.*
20: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US096.COMB.seq.*
21: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US097.COMB.seq.*
22: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US098.COMB.seq.*
23: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US099.COMB.seq.*
24: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09A.COMB.seq.*
25: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09B.COMB.seq.*
26: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09C.COMB.seq.*
27: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09D.COMB.seq.*
28: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09E.COMB.seq.*
29: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09F.COMB.seq.*
30: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09G.COMB.seq.*
31: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09H.COMB.seq.*
32: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09I.COMB.seq.*
33: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09J.COMB.seq.*
34: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09K.COMB.seq.*
35: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09L.COMB.seq.*
36: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09M.COMB.seq.*
37: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US09N.COMB.seq.*
38: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US100A.COMB.seq.*
39: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US100B.COMB.seq.*
40: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US101A.COMB.seq.*
41: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US101B.COMB.seq.*
42: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US102A.COMB.seq.*
43: /cgn2_6/ptodata/1/pna/US102B.COMB.seq.*

```

Result No.	Score	Query Match	DB Length	ID	Description
1	1392	100.0	1392	31	US-09-816-467-3
2	1392	100.0	1600	19	US-09-501-787-15
3	1392	100.0	1600	31	US-09-816-467-1
4	1387.4	99.7	3948	42	US-10-241-596-140
5	1351.4	97.1	1370	40	US-10-109-812-31
6	799.4	57.4	1368	40	US-10-109-812-32
7	799.2	57.4	3712	10	US-08-676-354A-4
8	799.2	57.4	3712	10	US-08-676-354A-5
9	797.2	57.3	4366	9	US-08-586-740A-4
10	796.8	57.2	3754	7	US-08-379-611-17
11	796.8	57.2	3754	9	US-08-586-740A-6
12	796.8	57.2	3769	7	US-08-379-611-18
13	796.8	57.2	3769	10	US-08-676-354A-5
14	796.8	57.2	3769	10	US-08-676-354A-5
15	796.8	57.2	4378	9	US-08-586-740A-9
16	521	37.4	1766	10	US-08-676-354A-6
17	521	37.4	1766	10	US-08-676-354A-6
18	248.2	17.8	1535	11	PCM-US97-15394-78
19	248.2	17.8	1535	11	US-08-704-159-78
20	248.2	17.8	1535	43	US-10-271-012-78
21	248.2	17.8	3894	1	PCT-US97-15394-76

Pred. No. is the number of results predicted by chance to have a score greater than or equal to the score of the result being printed, and is derived by analysis of the total score distribution.

SUMMARIES


```

; TITLE OF INVENTION: HYBRID PROTEINS THAT MIGRATE RETROGRADELY AND
; FILE REFERENCE: 03495.0174-01000
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/09/816,467
; PRIOR FILING DATE: 2001-03-26
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/055,615
; PRIOR FILING DATE: 1997-08-14
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/065,236
; PRIOR FILING DATE: 1997-11-13
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 19
; SOFTWARE: PatentIn Ver. 2.1
; SEQ ID NO 1
; LENGTH: 1600
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Clostridium tetani
; FEATURE:
; NAME/KEY: CDS
; LOCATION: (88)..(1476)
; US-09-816-467-1

Query Match      100.0%; Score 1392; DB 31; Length 1600;
Best Local Similarity 100.0%; Pred. No. 2.4e-231;
Matches 1392; Conservative 0; Mismatches 0; Indels 0; Gaps 0;

QY 1 ATGTTTTCACACCAATTCATTTCTATCTTAAATCTGGATGTTGGTGAT 60
DB 88 ATGTTTTCACACCAATTCATTTCTATCTTAAATCTGGATGTTGGTGAT 147
QY 61 AATGAGAGATATAGATGTTATTTAAAAAGAGTACAAATTTTAAATTTAGATTTAT 120
DB 148 AATGAGAGATATAGATGTTATTTAAAAAGAGTACAAATTTTAAATTTAGATTTAT 207
QY 121 AATGATTTTATATCAGATATATCTGGTTTATCATCTGTAATTAACATCCAGATCT 180
DB 208 AATGATTTTATATCAGATATATCTGGTTTATCATCTGTAATTAACATCCAGATCT 267
QY 181 CAATTTGTCGCCGGAATTAATGCAAGCAATACATTTAGTAAACAATGATCTTCTGAA 240
DB 268 CAATTTGTCGCCGGAATTAATGCAAGCAATACATTTAGTAAACAATGATCTTCTGAA 327
QY 241 GTTATAGTGAATAAGCTATGATGATTTGAATATATGATATGTTTAAATTTTACCGTT 300
DB 328 GTTATAGTGAATAAGCTATGATGATTTGAATATATGATATGTTTAAATTTTACCGTT 387
QY 301 AGCTTTGGTTGAGGTTCCCTAAAGTATCTGCTAGTCTTTAGAAACAATGAGCAAAAT 360
DB 388 AGCTTTGGTTGAGGTTCCCTAAAGTATCTGCTAGTCTTTAGAAACAATGAGCAAAAT 447
QY 361 GAGTATTCATATATAGCTCTATGAAAAACATAGTCTATGCAATGATCTGGTTGAGT 420
DB 448 GAGTATTCATATATAGCTCTATGAAAAACATAGTCTATGCAATGATCTGGTTGAGT 507
QY 421 GTATCACTTAAAGTATTAATTAATGACCTTAAAGATTTCCGGCGGGAAGTTCGA 480
DB 508 GTATCACTTAAAGTATTAATTAATGACCTTAAAGATTTCCGGCGGGAAGTTCGA 567
QY 481 CAATTAATCTTTAGGATTTTACCTGATTAATGCTTTTAAAGCAAAATGAGGTT 540
DB 568 CAATTAATCTTTAGGATTTTACCTGATTAATGCTTTTAAAGCAAAATGAGGTT 627
QY 541 TTTTATACCTATTAATGATAGATTTATCTCTGCTAAATTTTGTATATAAGGAGTACTT 600
DB 628 TTTTATACCTATTAATGATAGATTTATCTCTGCTAAATTTTGTATATAAGGAGTACTT 687
QY 601 ATGGAGTGCAGAAATTTACTGTTTGGAGCTATTTAGAGGATTAATTAATACATTA 660
DB 688 ATGGAGTGCAGAAATTTACTGTTTGGAGCTATTTAGAGGATTAATTAATACATTA 747
QY 661 AAATAGATAGATTAATTAATTAATTAATCAATAGCTTTCTATTTGATTAATTTAGATATTT 720
DB 748 AAATAGATAGATTAATTAATTAATTAATCAATAGCTTTCTATTTGATTAATTTAGATATTT 807
QY 721 TGCAAGCATTTAAATCCAAAAGACATTTGAAAAATTTATACACAGTATTTATCTATACCC 780
```

```

DB 808 TGCAAGCATTTAAATCCAAAAGACATTTGAAAAATTTATACACAGTATTTATCTATACCC 867
QY 761 TTTTAAAGAGACTTCTGGGGAACCCCTTTACGATATGATATACAAATTTTAAATACCA 840
DB 868 TTTTAAAGAGACTTCTGGGGAACCCCTTTACGATATGATATACAAATTTTAAATACCA 927
QY 841 GTAGCTTCAGTTCTTAAAGATGTTCAATTTGAAATATATAACAGATTTATGTTTGACA 900
DB 928 GTAGCTTCAGTTCTTAAAGATGTTCAATTTGAAATATATAACAGATTTATGTTTGACA 987
QY 901 AATGGCCATCTGTATTAATCTAACGGAATTTGAATATATTTATAGAAGTTATATATGA 960
DB 988 AATGGCCATCTGTATTAATCTAACGGAATTTGAATATATTTATAGAAGTTATATATGA 1047
QY 961 CTAATTTTATTAATAAAGATTTTACACCTTAATTAATGAATTAATCTTTGTTAAATCA 1020
DB 1048 CTAATTTTATTAATAAAGATTTTACACCTTAATTAATGAATTAATCTTTGTTAAATCA 1107
QY 1021 GGTGATTTTATTAATTAATGATGATATATACATATTAACATATAGGACATTTAGTTATCCG 1080
DB 1108 GGTGATTTTATTAATTAATGATGATATATATATATTAACATATAGGACATTTAGTTATCCG 1167
QY 1081 AATGATGGAATGCTTTTAAATATCTTGATGATAATTTCTAAAGAGTTATATGCCCA 1140
DB 1168 AATGATGGAATGCTTTTAAATATCTTGATGATAATTTCTAAAGAGTTATATGCCCA 1227
QY 1141 GGTATCCCTTTTATTAATAAAGATGGAAGCAATTAATTTGGTGTTTAAAAACCTATTCCT 1200
DB 1228 GGTATCCCTTTTATTAATAAAGATGGAAGCAATTAATTTGGTGTTTAAAAACCTATTCCT 1287
QY 1201 GTACAACCTTAATTAATGATGATTAATAAATGATCTTTAGAGTATAGTATCCCATAT 1260
DB 1288 GTACAACCTTAATTAATGATGATTAATAAATGATCTTTAGAGTATAGTATCCCATAT 1347
QY 1261 GGTCAATTAAGGACAGATCCCAATTAAGGATATTTAATTTGCAAGCAACTGGTACTTTAAT 1320
DB 1348 GGTCAATTAAGGACAGATCCCAATTAAGGATATTTAATTTGCAAGCAACTGGTACTTTAAT 1407
QY 1321 CATTTAAAGATTAATTTTAGATGATGATTTGACTTTTACCTACAGATGAGAGATGG 1380
DB 1408 CATTTAAAGATTAATTTTAGATGATGATTTGACTTTTACCTACAGATGAGAGATGG 1467
QY 1381 ACAATGATTTAA 1392
DB 1468 ACAATGATTTAA 1479

RESULT 4
US-10-241-596-140
; Sequence 140, Application US/10241596
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Microbiological Research Authority
; APPLICANT: The Speywood Laboratory Limited
; TITLE OF INVENTION: Recombinant Toxin Fragments
; FILE REFERENCE: 1581.0130003
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/241,596
; PRIOR FILING DATE: 2002-09-12
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/255,829
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 09/242,689
; PRIOR FILING DATE: 1999-02-23
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB97/02273
; PRIOR FILING DATE: 1997-08-22
; PRIOR APPLICATION NUMBER: US 08/782,893
; PRIOR FILING DATE: 1996-12-27
; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9625996.5
; PRIOR FILING DATE: 1996-12-13
; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9617671.4
; PRIOR FILING DATE: 1996-08-23
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 175
; SOFTWARE: PatentIn version 3.1
; SEQ ID NO 140
```

LENGTH: 3948
TYPE: DNA
ORGANISM: Clostridium tetani
US-10-241-596-140

Query Match 99.7%; Score 1387.4; DB 42; Length 3948;
Best Local Similarity 99.9%; Pred. No. 1.7e-230;
Matches 1388; Conservative 0; Mismatches 1; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 4 GTTTCCTCAACACCAATTCATTTCTTATCTCTAATAAACTGGATTGTTGGGTGATAT 63
    |||
Db 2560 GTTTCCTCAACACCAATTCATTTCTTATCTCTAATAAACTGGATTGTTGGGTGATAT 2619

QY 64 GAAGACATATAGATGTTATATTAATAAAGATCAATTTTAAATTTAGATATTAATAT 123
    |||
Db 2620 GAAGACATATAGATGTTATATTAATAAAGATCAATTTTAAATTTAGATATTAATAT 2679

QY 124 GATATTTATCAGATATATCTGGGTTAAATTCATCTGTAATACCATATCCAGATGCTCAA 183
    |||
Db 2680 GATATTTATCAGATATATCTGGGTTAAATTCATCTGTAATACCATATCCAGATGCTCAA 2739

QY 184 TTGGTGCCCGGAATAAATGCGAAGCAATACATTTAGTAACAATGAATCTTCTGAGTT 243
    |||
Db 2740 TTGGTGCCCGGAATAAATGCGAAGCAATACATTTAGTAACAATGAATCTTCTGAGTT 2799

QY 244 ATAGTCATTAAGCTATGATGATTTGAATATATGATATGTTTAAATTTTACCGTTAGC 303
    |||
Db 2800 ATAGTCATTAAGCTATGATGATTTGAATATATGATATGTTTAAATTTTACCGTTAGC 2859

QY 304 TTTTGGTGGGGTTCCTAAAGTATCTGCTAGTATTTAGAACATATGCGACAATGAG 363
    |||
Db 2860 TTTTGGTGGGGTTCCTAAAGTATCTGCTAGTATTTAGAACATATGCGACAATGAG 2919

QY 364 TATTCATAATTAATAGCTCTATGAAAAAACAATAGTCTATCAATAGATCGTTGGAGTGA 423
    |||
Db 2920 TATTCATAATTAATAGCTCTATGAAAAAACAATAGTCTATCAATAGATCGTTGGAGTGA 2979

QY 424 TCACCTTAAGGTAATACTTAATATGAGCTTTAAAGATTCGCGGGAAGATTAGACAA 483
    |||
Db 2980 TCACCTTAAGGTAATACTTAATATGAGCTTTAAAGATTCGCGGGAAGATTAGACAA 3039

QY 484 ATACCTTTTAGGATTTACCTGATTAATTTAATGCTTATTTAGCAATAATATGGGTTTT 543
    |||
Db 3040 ATACCTTTTAGGATTTACCTGATTAATTTAATGCTTATTTAGCAATAATATGGGTTTT 3099

QY 544 ATACCTATTAATGATATGATATATCTTCTGTAATTTGATATTAATATGAGTACTTATG 603
    |||
Db 3100 ATACCTATTAATGATATGATATATCTTCTGTAATTTGATATTAATATGAGTACTTATG 3159

QY 604 GGAAGTGCAGAAATTTACTGTTAGAGGCTATTAGAGAGATAATATTAACAATTTAAA 663
    |||
Db 3160 GGAAGTGCAGAAATTTACTGTTAGAGGCTATTAGAGAGATAATATTAACAATTTAAA 3219

QY 664 CTAGATAGATGATATATATATTAATCAATACGTTTCTATGTAATAATTTAGATATTTTGC 723
    |||
Db 3220 CTAGATAGATGATATATATTAATCAATACGTTTCTATGTAATAATTTAGATATTTTGC 3279

QY 724 AAAGCATTTAATCCAAAAGATTTGAAAAATTTATACACAATTTTATATCATACCTTT 783
    |||
Db 3280 AAAGCATTTAATCCAAAAGATTTGAAAAATTTATACACAATTTTATATCATACCTTT 3339

QY 784 TTAAAGACTTCTGGGGAACCTTTAGATATGATACAGAAATATTTTAAATCCAGTA 843
    |||
Db 3340 TTAAAGACTTCTGGGGAACCTTTAGATATGATACAGAAATATTTTAAATCCAGTA 3399

QY 844 GCTTCATAGTCTTAAAGATGTTCAATGTAATAATATTAACAATTTATATTTTACCAAT 903
    |||
Db 3400 GCTTCATAGTCTTAAAGATGTTCAATGTAATAATATTAACAATTTATATTTTACCAAT 3459

QY 904 GGGCCATCTATCTATACGGAATAATGAATATATATATTAATGAAGGTATATTAATGACTA 963
    |||
Db 3460 GGGCCATCTATCTATACGGAATAATGAATATATATATTAATGAAGGTATATTAATGACTA 3519
```

```
QY 964 AAATTTATTAATAAAGATATATACACCTAATATGAATAGATTTCTTTTGTAAATCAGT 1023
    |||
Db 3520 AAATTTATTAATAAAGATATATACACCTAATATGAATAGATTTCTTTTGTAAATCAGT 3579

QY 1024 GATTTTATTAATAATATATGATCATATATACAAATATGACACATTTGATGTTATCCGAAA 1083
    |||
Db 3580 GATTTTATTAATAATATATGATCATATATACAAATATGACACATTTGATGTTATCCGAAA 3639

QY 1084 GATGAAATGCCCTTTAATATCTTTGATAGAAATCTTAGAGAGGTTTAAATGCCCCAGT 1143
    |||
Db 3640 GATGAAATGCCCTTTAATATCTTTGATAGAAATCTTAGAGAGGTTTAAATGCCCCAGT 3699

QY 1144 ATCCCTCTTTAATAAATAATGAAAGCAGTAAATTTGGGTGATTTAAACCTATTTCTGA 1203
    |||
Db 3700 ATCCCTCTTTAATAAATAATGAAAGCAGTAAATTTGGGTGATTTAAACCTATTTCTGA 3759

QY 1204 CAACCTTAAATTAATGATGATTAATAATGCAATCTTTAGGACTAGTAGTACCCTAATGCT 1263
    |||
Db 3760 CAACCTTAAATTAATGATGATTAATAATGCAATCTTTAGGACTAGTAGTACCCTAATGCT 3819

QY 1264 CAAATAGCAGATGCCAAATAGGATATATTAATGCAAGCACTGGTACTTAAATCAT 1323
    |||
Db 3820 CAAATAGCAGATGCCAAATAGGATATATTAATGCAAGCACTGGTACTTAAATCAT 3879

QY 1324 TTAAGAATTAATAATTTTAGATGATTTGATGTTGTTACTTACTACATGAGAGATGACA 1383
    |||
Db 3880 TTAAGAATTAATAATTTTAGATGATTTGATGTTGTTACTTACTACATGAGAGATGACA 3939

QY 1384 AATGATTA 1392
    |||
Db 3940 AATGATTA 3948
```

RESULT 5

US-10-109-812-31

Sequence 31, Application US/10109812
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: Maliga, Pal
APPLICANT: Cornelle, Sylvie
APPLICANT: Lutz, Kerry
TITLE OF INVENTION: High Level Expression of Immunogenic Proteins In the
FILE REFERENCE: Rutgers-00-0038 CIP
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/109, 812
CURRENT FILING DATE: 2002-03-29
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US00/25930
PRIOR FILING DATE: 2000-09-21
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/211,139
PRIOR FILING DATE: 2000-06-13
PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/155,007
PRIOR FILING DATE: 1999-09-21
NUMBER OF SEQ ID NOS: 57
SOFTWARE: FastSeq for Windows Version 3.0
SEQ ID NO 31
LENGTH: 1370
TYPE: DNA
ORGANISM: Escherichia coli
US-10-109-812-31

Query Match 97.1%; Score 1351.4; DB 40; Length 1370;
Best Local Similarity 99.6%; Pred. No. 2.6e-224;
Matches 1355; Conservative 0; Mismatches 6; Indels 0; Gaps 0;

```
QY 32 ATTCTAAAAATCGATGTTGGTGGTGGATATGAGAGAGATATAGATGTTATATTAATA 91
    |||
Db 2 AATATGAAAAATCGATGTTGGTGGTGGATATGAGAGAGATATAGATGTTATATTAATA 61

QY 92 AGAGTACATTTTAATTAATGATATTAATGATATTAATGATATTAATGATATTAATGAT 151
    |||
Db 62 AGAGTACATTTTAATTAATGATATTAATGATATTAATGATATTAATGATATTAATGAT 121

QY 152 ATTCACTGTAATAACATATCCAGATGCTCAATTTGGTCCCGGAATAATATGCAAGCA 211
    |||
```

Db 122 ATTCATCTGTATTAACATATCCAGATGCTCAATTGGTGC CGGAATTAATGCGAAGCAA 181
OY 212 TACATTTTGTAAACATGATCTTCGAGTTATAGTGAATTAAGCATGATATGAAAT 271
Db 182 TACATTTTGTAAACATGATCTTCGAGTTATAGTGAATTAAGCATGATATGAAAT 241
OY 272 ATTAATGATATGTTTAAATATTTTACCGTTAGCTTTGGTTGAGGGTTCCGAAAGATCTG 331
Db 242 ATTAATGATATGTTTAAATATTTTACCGTTAGCTTTGGTTGAGGGTTCCGAAAGATCTG 301
OY 332 CTAGTCATTTAGAACATATGCGACAAATGAGTATTCATTAATTAATAGCTCTATGCAAAAAAC 391
Db 302 CTAGTCATTTAGAACATATGCGACAAATGAGTATTCATTAATTAATAGCTCTATGCAAAAAAC 361
OY 392 ATAGCTCATCATGAGATGCTGGTGGAGTGTATCACTTAAAGTAACTAATTAATATGGA 451
Db 362 ATAGCTCATCATGAGATGCTGGTGGAGTGTATCACTTAAAGTAACTAATTAATATGGA 421
OY 452 CTTTAAAGATTCGCGGGGAGAGATTAGACAAATTAACCTTTAGGATTTTACCTGATTAAT 511
Db 422 CTTTAAAGATTCGCGGGGAGAGATTAGACAAATTAACCTTTAGGATTTTACCTGATTAAT 481
OY 512 TTAATGCTTATTTAGCAATTAATGGGTTTTTATTAATCTATTAATGATATATCTT 571
Db 482 TTAATGCTTATTTAGCAATTAATGGGTTTTTATTAATCTATTAATGATATATCTT 541
OY 572 CTGCTAATTTGATATTAATGAGTACTATGCGAGTGCAGAAATTAATGCTTTAGAG 631
Db 542 CTGCTAATTTGATATTAATGAGTACTATGCGAGTGCAGAAATTAATGCTTTAGAG 601
OY 632 CTATTAAGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 691
Db 602 CTATTAAGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 661
OY 692 AGCTTTCTTGTATTAATTTAGATATTTTGCAAGCATTAAATCCAAAGAGATTTGAAA 751
Db 662 AGCTTTCTTGTATTAATTTAGATATTTTGCAAGCATTAAATCCAAAGAGATTTGAAA 721
OY 752 AATTTATACAGAGTATTTATATCATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 811
Db 722 AATTTATACAGAGTATTTATATCATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 781
OY 812 GATATGATACAGATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 871
Db 782 GATATGATACAGATTAATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 841
OY 872 AAAATTAACAGATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 931
Db 842 AAAATTAACAGATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 901
OY 932 ATATATATTTATGAAGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 991
Db 902 ATATATATTTATGAAGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 961
OY 992 ATATATATTTATGAAGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1051
Db 962 ATATATATTTATGAAGTATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1021
OY 1052 ACAATTAATGAGCATTTAGGTTATCCGAAAGATGAAATGCTTTAAATTAATTAATTAAT 1111
Db 1022 ACAATTAATGAGCATTTAGGTTATCCGAAAGATGAAATGCTTTAAATTAATTAATTAAT 1081
OY 1112 GAATTCCTAAGAGTAGGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1171
Db 1082 GAATTCCTAAGAGTAGGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1141
OY 1172 TAAATTTGGCTGATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1231
Db 1142 TAAATTTGGCTGATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1201
OY 1232 CATCTTTAGAGCATAGGTTAGCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1291
Db 1202 CATCTTTAGAGCATAGGTTAGCCATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1261

OY 1292 TATTAATTCAGACACTGCTACTTTAATCAATTTAAAGATTAATTTAGATGATAT 1351
Db 1262 TATTAATTCAGACACTGCTACTTTAATCAATTTAAAGATTAATTTAGATGATAT 1321
OY 1352 GGATCTTTGTACTTACATGATGAGGATGACAAATGATTA 1392
Db 1322 GGATCTTTGTACTTACATGATGAGGATGACAAATGATTA 1362

RESULT 6
US-10-109-812-32
; Sequence 32, Application US/10109812
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Malliga, Pal
; APPLICANT: Cornelle, Sylvie
; TITLE OF INVENTION: High Level Expression of Immunogenic Proteins in the
; FILE REFERENCE: Rutgers-00-0038 CIP
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/109, 812
; PRIOR FILING DATE: 2002-03-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/US00/25930
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-21
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/211,139
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-13
; PRIOR APPLICATION NUMBER: 60/155,007
; PRIOR FILING DATE: 1999-09-21
; NUMBER OF SEQ. ID NOS: 57
; SOFTWARE: FASTSEQ for Windows Version 3.0
; SEQ. ID NO 32
; LENGTH: 1368
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: Synthetic
US-10-109-812-32

Query Match 57.4%; Score 799.4; DB 40; Length 1368;
Best Local Similarity 74.2%; Pred. No. 1e-128;
Matches 1010; Conservative 0; Mismatches 351; Indels 0; Gaps 0;

OY 32 ATTCATAAATCTGGATGTTGGTTGATTAATGAAGACATATAGATGTTATTAATTA 91
Db 2 ATATGAAGAAACCTTGATGTTGGTGCAGAACAGAAAGACATGATGTTATTCCTGAAAA 61
OY 92 AGAGTACATTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 151
Db 62 AGTCTACATTTCTGACATTTGACATCAACACAGATATTTATTCGACATCTCTGGTTCA 121
OY 152 ATTCATCTGTATTAATCAATATCCAGATGCTCAATTTGGTCCCGAAATTAATGCGAAGCAA 211
Db 122 ACTCCTCTGTATATCAATATCCAGATGCTCAATTTGGTCCCGAAATTAATGCGAAGCAA 181
OY 212 TACATTTAGTAAACATATATCTTCTGAAGTTATAGTATTAAGCTATAGATATGAAAT 271
Db 182 TCCACCGGTTAAACACCAATCTTCTGAAGTTATAGTATTAAGCTATAGATATGAAAT 241
OY 272 ATTAATGATATGTTTAAATTAATTTTACCGTTAGCTTTGGTTGAGGGTTCCGAAAGATCTG 331
Db 242 ACAAGACATGTTCAACAACATTCACCGTTAGCTTTGGTCCCGAAAGATCTG 301
OY 332 CTAGTCATTTAGAACATATGCGACAAATGAGTATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTA 391
Db 302 CTAGTCATTTAGAACATATGCGACAAATGAGTATTCATTAATTAATTAATTAATTAATTA 361
OY 392 ATAGCTCATCATGAGATGCTGGTGGAGTGTATCACTTAAAGTAACTAATTAATATGGA 451
Db 362 ATAGCTCATCATGAGATGCTGGTGGAGTGTATCACTTAAAGTAACTAATTAATATGGA 421
OY 452 CTTTAAAGATTCGCGGGGAGAGATTAGACAAATTAACCTTTAGGATTTTACCTGATTAAT 511
Db 422 CTTCGAAAGATTCGCGGGGAGAGATTAGACAAATTAACCTTTAGGATTTTACCTGATTAAT 481

QY	512	TTAATGCTTATTGTGCAAAATTAATGGGTTTTTAAACTATTTACAAATGATAGATTAACCTT	571
QY	512	TTAATGCTTATTGTGCAAAATTAATGGGTTTTTAAACTATTTACAAATGATAGATTAACCTT	571
Db	482	TCAACGCTACCTGGCTACAAATGGGTTTTTCACTACTATACCTAAAGATGCTGTCTT	541
QY	572	CTGCTAATTTGTATATTAATGCGACTCTTTGGGAACGTGCAAGAAATTAAGTGTAGAG	631
Db	542	CTGCTAATTTGTATATTAATGCGACTCTTTGGGAACGTGCAAGAAATTAAGTGTAGAG	631
QY	632	CTATTAGAGAGATTAATTAATTAACATTAAACTAGTACGTAAATTAATTAATTAAT	691
Db	602	CTATCCGAGAGAACAAACATCTCTTAAGCTGACCGCTGCACAAACAAACACAGT	661
QY	692	ACGTTTCTATTGATTAATTTAGATATTTTGGCAAGATTAATTAATTAATTAATTAAT	751
Db	662	ACGATATCATGACAAAGTCCGTATCTTCTGCAAGACACTGAACCCGAAAGATTAAT	721
QY	752	AATTAATACCAAGTTATTATTAATTAACCTTTTAAAGAGACTCTGGGGAAACCTTTAC	811
Db	722	AACGTATACCAAGTTATTATTAATTAACCTTTTAAAGAGACTCTGGGGAAACCTTTAC	811
QY	812	GATATGATACGATTAATTAATTAATTAACACTAGCTCTAGTTCTTAAAGATGTTCAATTGA	871
Db	782	GTTACGACACCGAATTAATTAATTAACACTAGCTCTAGTTCTTAAAGATGTTCAATTGA	871
QY	872	AAAATTAACAGATTATTAATTAATTAATTAACAAATGGCCATGTAATTAACAAAGAAATTA	931
Db	842	AAAATTAACAGATTATTAATTAATTAATTAACAAATGGCCATGTAATTAACAAAGAAATTA	931
QY	932	ATATAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	991
Db	902	ACATCTACTACCGACGCTGTACAAACGGCTGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	961
QY	992	ATATATGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	105
Db	962	ACAACGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	102
QY	1052	ACAATTAATGAACATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	111
Db	1022	ACAACGAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	108
QY	1112	GAATTTCAAGAGTAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	117
Db	1082	GAATTTCAAGAGTAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	114
QY	1172	TAAATTTGCGGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	123
Db	1142	TAAATTTGCGGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	120
QY	1232	CATCTTTAGAGACTAGTTAGTACCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	129
Db	1202	CTTCTGCGGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	126
QY	1292	TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	135
Db	1262	TCCGATTCGCTTACTACTGCTTACTTAACCACTGAAGCAAAATTCCTGGTGGACT	132
QY	1352	GATACCTTTGACCTACAGATGAGGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1392
Db	1322	GATACCTTTGACCTACAGATGAGGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA	1362

```

1 ADDRESS: Wolf, Greenfield & Sacks, P.C.
2 STREET: 600 Atlantic Avenue
3 CITY: Boston
4 STATE: MA
5 COUNTRY: USA
6 ZIP: 02210
7
8 COMPUTER READABLE FORM:
9 MEDIUM TYPE: Floppy disk
10 COMPUTER: IBM PC compatible
11 OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
12 SOFTWARE: Patent Release #1.0, Version #1.25 (EPO)
13
14 CURRENT APPLICATION DATA:
15 APPLICATION NUMBER: US/08/676,354A
16 FILING DATE: 20-NOV-1996
17
18 PRIOR APPLICATION DATA:
19 APPLICATION NUMBER: GB 9401795.1
20 FILING DATE: 31-JAN-1994
21
22 PRIOR APPLICATION DATA:
23 APPLICATION NUMBER: PCT/GB95/00196
24 FILING DATE: 31-JAN-1995
25
26 ATTORNEY/AGENT INFORMATION:
27 NAME: GATES, EDWARD R.
28 REGISTRATION NUMBER: 31,616
29
30 REFERENCE/DOCKET NUMBER: M0975/77001
31 TELECOMMUNICATION INFORMATION:
32 TELEPHONE: 617-720-3500
33 TELEFAX: 617-720-2441
34
35 INFORMATION FOR SEQ ID NO: 4:
36 SEQUENCE CHARACTERISTICS:
37 LENGTH: 3712 base pairs
38 TYPE: nucleic acid
39 STRANDEDNESS: double
40 TOPOLOGY: circular
41
42 MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
43
44 HYPOTHEICAL: NO
45
46 ANTI-SENSE: NO
47
48 FEATURE:
49 NAME/KEY: htra promoter
50 LOCATION: 1..55
51
52 FEATURE:
53 NAME/KEY: SacII restriction site
54 LOCATION: 513
55
56 FEATURE:
57 NAME/KEY: AlwN 1 restriction site
58 LOCATION: 2235
59
60 US-08-676-354A-4
61
62 Query Match 57.4%; Score 799.2; DB 10; Length 3712;
63 Best Local Similarity 74.3%; Pred. No. 1.3e-128;
64 Matches 1008; Conservative 0; Mismatches 348; Indels 0; Gaps 0.
65
66
67
68
69
70
71
72
73
74
75
76
77
78
79
80
81
82
83
84
85
86
87
88
89
90
91
92
93
94
95
96
97
98
99
100
101
102
103
104
105
106
107
108
109
110
111
112
113
114
115
116
117
118
119
120
121
122
123
124
125
126
127
128
129
130
131
132
133
134
135
136
137
138
139
140
141
142
143
144
145
146
147
148
149
150
151
152
153
154
155
156
157
158
159
160
161
162
163
164
165
166
167
168
169
170
171
172
173
174
175
176
177
178
179
180
181
182
183
184
185
186
187
188
189
190
191
192
193
194
195
196
197
198
199
200
201
202
203
204
205
206
207
208
209
210
211
212
213
214
215
216
217
218
219
220
221
222
223
224
225
226
227
228
229
230
231
232
233
234
235
236
237
238
239
240
241
242
243
244
245
246
247
248
249
250
251
252
253
254
255
256
257
258
259
260
261
262
263
264
265
266
267
268
269
270
271
272
273
274
275
276
277
278
279
280
281
282
283
284
285
286
287
288
289
290
291
292
293
294
295
296
297
298
299
300
301
302
303
304
305
306
307
308
309
310
311
312
313
314
315
316
317
318
319
320
321
322
323
324
325
326
327
328
329
330
331
332
333
334
335
336
337
338
339
340
341
342
343
344
345
346
347
348
349
350
351
352
353
354
355
356
357
358
359
360
361
362
363
364
365
366
367
368
369
370
371
372
373
374
375
376
377
378
379
380
381
382
383
384
385
386
387
388
389
390
391
392
393
394
395
396
397
398
399
400
401
402
403
404
405
406
407
408
409
410
411
412
413
414
415
416
417
418
419
420
421
422
423
424
425
426
427
428
429
430
431
432
433
434
435
436
437
438
439
440
441
442
443
444
445
446
447
448
449
450
451
452
453
454
455
456
457
458
459
460
461
462
463
464
465
466
467
468
469
470
471
472
473
474
475
476
477
478
479
480
481
482
483
484
485
486
487
488
489
490
491
492
493
494
495
496
497
498
499
500
501
502
503
504
505
506
507
508
509
510
511
512
513
514
515
516
517
518
519
520
521
522
523
524
525
526
527
528
529
530
531
532
533
534
535
536
537
538
539
540
541
542
543
544
545
546
547
548
549
550
551
552
553
554
555
556
557
558
559
560
561
562
563
564
565
566
567
568
569
570
571
572
573
574
575
576
577
578
579
580
581
582
583
584
585
586
587
588
589
590
591
592
593
594
595
596
597
598
599
600
601
602
603
604
605
606
607
608
609
610
611
612
613
614
615
616
617
618
619
620
621
622
623
624
625
626
627
628
629
630
631
632
633
634
635
636
637
638
639
640
641
642
643
644
645
646
647
648
649
650
651
652
653
654
655
656
657
658
659
660
661
662
663
664
665
666
667
668
669
670
671
672
673
674
675
676
677
678
679
680
681
682
683
684
685
686
687
688
689
690
691
692
693
694
695
696
697
698
699
700
701
702
703
704
705
706
707
708
709
710
711
712
713
714
715
716
717
718
719
720
721
722
723
724
725
726
727
728
729
730
731
732
733
734
735
736
737
738
739
740
741
742
743
744
745
746
747
748
749
750
751
752
753
754
755
756
757
758
759
760
761
762
763
764
765
766
767
768
769
770
771
772
773
774
775
776
777
778
779
780
781
782
783
784
785
786
787
788
789
790
791
792
793
794
795
796
797
798
799
800
801
802
803
804
805
806
807
808
809
810
811
812
813
814
815
816
817
818
819
820
821
822
823
824
825
826
827
828
829
830
831
832
833
834
835
836
837
838
839
840
841
842
843
844
845
846
847
848
849
850
851
852
853
854
855
856
857
858
859
860
861
862
863
864
865
866
867
868
869
870
871
872
873
874
875
876
877
878
879
880
881
882
883
884
885
886
887
888
889
890
891
892
893
894
895
896
897
898
899
900
901
902
903
904
905
906
907
908
909
910
911
912
913
914
915
916
917
918
919
920
921
922
923
924
925
926
927
928
929
93
```



```
Db 388 CACCTGGAAACAGTACGGCAGCTAAAGAGTACTCCATCATCACTCTCTATGAGAAACACTCC 447
QY 397 CTATCATAGATCTGGTGGAGGTATCACTTAAGAGTAAATCACTTAATATGAGCTTTA 456
Db 448 CTCTCATCTGGCTCTGGTGGTCTGTTCCCTGAGGGTAAACACCTGATGTGACTCTG 507
QY 457 AAAGATCCCGGGGAGAGTATAGACAATTAACCTTTAGGGATTTACCTGATTAATTAAT 516
Db 508 AAGAGCTCCCGGGGAGAGTATGAGACAATTAACCTTTAGGGATTTACCTGATTAATTAAT 567
QY 517 GCTTATTTAGCAATAATATGGGTTTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 576
Db 568 GCGTACTGCTTAAACAATATGGGTTTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 627
QY 577 AATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 636
Db 628 AACCTGACTTCAACAGCGCTTCTGATGGGCTCCGCTGAAATCACTGCTGGGCTATC 687
QY 637 AGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 696
Db 688 CGTGAGGACAAACAATCACTCACTTAAGCTGAGCGTTGCAACAAACAACAGCTAGCTA 747
QY 697 TCTATTTAGTAAATTTAGGATTTTTCGAAAGCATTAATCCAAAAGATTTGAAAATTA 756
Db 748 TCCATGCGACAAGTCCGATCTCTCCAAAGCACTGAACCGGAAAGATGGAATACTG 807
QY 757 TACACAAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 816
Db 808 TATACCAAGTACTCTCTATCACTTCTGCGTACTTCTGCGGATTAACCGCTGCTTAC 867
QY 817 GATACGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 876
Db 868 GACACCGAATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 927
QY 877 ATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 936
Db 928 ATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 987
QY 937 TATATTAAGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 996
Db 988 TATACAGAGTCTCTCTATCACTTCTGCGTACTTCTGCGGATTAACCGCTGCTTAC 1047
QY 997 GAAATAGATCTTTTGTAAATCACTGATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1056
Db 1048 GAAATAGATCTTTTGTAAATCACTGATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1107
QY 1057 AATGAGACATTTGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1116
Db 1108 AATGAGACATTTGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1167
QY 1117 CTAGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1176
Db 1168 CTAGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1227
QY 1177 TTGCGTATTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1236
Db 1228 TTGCGTATTTAAAAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1287
QY 1237 TTGAGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1296
Db 1288 TTGAGAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1347
QY 1297 ATTGCAAGCACTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1356
Db 1348 ATTGCAAGCACTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1407
QY 1357 TTGTTACTTAACAGATGAGGATGAGACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1392
Db 1408 TTGTTACTTAACAGATGAGGATGAGACAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1443
```

RESULT 8
US-08-676-354-4

```
; Sequence 4, Application US/08676354C
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Khan, Mohammed Anjam
; APPLICANT: Charville, Steven Neville
; APPLICANT: Li, Jinglei
; TITLE OF INVENTION: EXPRESSION OF HETEROLOGOUS PROTEINS IN ATTENUATED BACTERIA
; FILE REFERENCE: M0975/77001
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/676,354C
; EARLIER FILING DATE: 1996-11-20
; EARLIER APPLICATION NUMBER: GB 9401795.1
; EARLIER FILING DATE: 1994-01-31
; EARLIER APPLICATION NUMBER: PCT/GB95/00196
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 8
; SOFTWARE: Fastseq for Windows, Version 3.0
; SEQ ID NO 4
; LENGTH: 3712
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial sequence
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc.feature
; LOCATION: 1..3712
; OTHER INFORMATION: Artificial sequence is plasmid pHTRA1
; FEATURE:
; NAME/KEY: promoter
; LOCATION: 1..55
; OTHER INFORMATION: htra promoter
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc.feature
; LOCATION: 513
; OTHER INFORMATION: SacII restriction site
; FEATURE:
; NAME/KEY: misc.feature
; LOCATION: 2235
; OTHER INFORMATION: AlwNI restriction site
; US-08-676-354-4

Query Match 57.4%; Score 799.2; DB 10; Length 3712;
Best Local Similarity 74.3%; Pred. No. 1.3e-128;
Matches 1008; Conservative 0; Mismatches 348; Indels 0; Gaps 0;

QY 37 AAAAATCTGATTTGGTGTGATTAATGAAGAATATAGATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 96
Db 88 AAAAATCTGATTTGGTGTGATTAATGAAGAATATAGATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 147
QY 97 ACAAATTTAATTTGATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 156
Db 148 ACCATTTGATTTGATTTGATTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 207
QY 157 TCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 216
Db 208 TCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 267
QY 217 TTAAGTAACATGAATCTTCTGAAGTTATAGTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 276
Db 268 CTGTTAAACAAGAACTTCTGAAGTTATAGTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 327
QY 277 GATATGTTAATTAATTTTACCTTACCTTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 336
Db 328 GATATGTTAATTAATTTTACCTTACCTTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 387
QY 337 CATTTAGAACATTAATGACCAAAATGAGTTTCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 396
Db 388 CACCTGGAACAGTACGCACTAAGAGTACATCATCATCATCATCATCATCATCATCATCATCATCATCATCC 447
QY 397 CTATCATAGATCTGGTGGAGGTATCACTTAAGAGTAAATCACTTAATATGAGCTTTA 456
Db 448 CTCTCATCTGGCTCTGGTGGTCTGTTCCCTGAGGGTAAACACCTGATGTGACTCTG 507
QY 457 AAAGATCCCGGGGAGAGTATAGACAATTAACCTTTAGGGATTTACCTGATTAATTAATTAATTAAT 516
Db 508 AAGAGCTCCCGGGGAGAGTATGAGACAATTAACCTTTAGGGATTTACCTGATTAATTAATTAATTAAT 567
```


QY	517	GCATATTAGCAAAATTAATGGGTTTTTTTAAACATATACATATATATATATCTTGCT	576
Db	568	CGGTACCTGGCTACAAATGGGTTTTTCACTACTATATACATACGATGCTGTCTTGCT	627
QY	577	AATTGTATTAATTAATGGAGTACTTATGGGAAGTGACAGAAATTACTGGTTTAAAGAGCTATT	636
Db	628	AACCTGTACATCAACGGGGTTCTGATGGGCTCCGGCTGAATATCACTGGTGGGGGCTATC	687
QY	637	AGAGAGATTAATTAATTAACATTAATAACATAGATAGATGTATATATATATATCATACTGT	696
Db	688	CGTAGGCAACAACATCATCTTTAAAGCTGGAGCCGTGGCAACAACAACCAACCACTAGCTA	747
QY	697	TCTATTGATTAATTTAGGATTTTGGCAAGCATTTAAATCCAAAGAGATTGAAGAAATTA	756
Db	748	TCCATCGCAACACTCCGATATCTTCTCCAAAGACACTGACCCGAAAGAGATCGAAAACTG	807
QY	757	TACACAGTATTATTATCTATAACCTTTTTTAAGAGACTTGGGGMAAACCCCTTAAGATAT	816
Db	808	TATACCACTACCTCTCTATCAACCTCTCCGCGATCTTCGGGGTATACCCGCTCGTTAC	867
QY	817	GATACAGAAATTTATTAATACCAGAGCTTCTAGTTCTTAAGATGTCAATGTCAATGAATAAT	876
Db	868	GACACCGAATATTAACCTGATCCCGGAGCTTCTAGCTCTTAAGAAGCTTCAGCTGAAGAAC	927
QY	877	ATAACAGATTTATTTATTTAGTCAAAATGGCCATTCGTATCTAAAGGAAAAATGAATATA	936
Db	928	ATCACTGACTACTATGACTGACCAACGGGCGCTCCTACACTAAAGGTTAACTATACATC	987
QY	937	TATTATAGAAGGTTATATATATGAGACTAAATTTATTAATAAAGATATACCTTAATAT	996
Db	988	TACTATCCACAGCTCTGTACAAAGGCGCTGAAGTTTCATCATCAAGGCTACCTCCGACACAC	1047
QY	997	GAAATGATTTCTTTGGTTTAATCAGGTGATTTATTAATTAATATATATGATCATATAACAT	1056
Db	1048	GAAATCGATTTCTTGTTTAATCTGGTGAAGCTTCATCAAACTGTACGTTCTTCTTACACACAC	1107
QY	1057	AATGAGCAATTTGATAGGTTATCCGAAGAATGGAATGCTTTATATATCTTGTATAGAATT	1116
Db	1108	AACGACACATCTGTTGGTTACCCGGAAGAGGTAAAGCTTTCAACACACTGTGACAGANTT	1167
QY	1117	CTAGAGTAGGTTATATATGCCAGATATCCCTTTATATAAAAAATGGAAGCGTAAAA	1176
Db	1168	CTGCTGTTGGTTTACAAACGCTCCGGGTATCCCGCTGTACAAAAAATGAAGCTGTTAAA	1227
QY	1177	TTCGCTGATTTTAAACACATATCTGTACACACTTAAATTTATGTATGATTAATAAATGATCT	1236
Db	1228	CTGCGTGAACCTAAAAACCTACTCTGTTCAGCTTAAACTGTACGACGACAAAAACGCTCT	1287
QY	1237	TTAGAGTAGTAGTACCACATATATGSTCAATATAGGCAACGATCCAAATAGGATATATTTA	1296
Db	1288	CTGGGCTGTGGTTGTATACCCACAACGSGTCAAGATGSGTAAACGCCGATGACATCTG	1347
QY	1297	ATTGCAAGCAACTGCTACTTTATCATTTTAAAAAGATAAAAATTTAGATGTGATTTGGTAC	1356
Db	1348	ATCGCTTCTTAATCTGGTACTTTCACACCGCTGAAGACAAAAATCCGTGGGTTGGAGCTGTAC	1407
QY	1357	TTTTTACCTACAGATGAGGATGAGACAAATGATTA	1392
Db	1408	TTTCGTTCCGACCGATGAGAGGTTGGACCAACGACTAA	1443
RESULT 9			
US-08-586-740A-12			
Sequence 12, Application US/08586740A			
GENERAL INFORMATION:			
APPLICANT: Khan, Mohammed Anjam			
APPLICANT: Hormaeche, Carlos Estenio			
APPLICANT: Chaffield, Steven Neville			
APPLICANT: Dougan, Gordon			
TITLE OF INVENTION: VACCINE COMPOSITIONS			
FILE REFERENCE: M0975/77000			
CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/586, 740A			

```

CURRENT FILING DATE: 1996-07-19
PRIORITY APPLICATION NUMBER: PCT/GB93/01617
PRIORITY FILING DATE: 1993-07-30
PRIORITY APPLICATION NUMBER: GB 9401787.8
PRIORITY FILING DATE: 1994-01-31
NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
SOFTWARE: PatentIn version 3.0
SEQ ID NO 12
LENGTH: 4366
TYPE: DNA
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (1)..(4366)
OTHER INFORMATION: plasmid pTECH3-P28
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (98)..(100)
OTHER INFORMATION: Tet C gene start codon
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (528)..(533)
OTHER INFORMATION: SacII restriction site
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (1454)..(1459)
OTHER INFORMATION: XbaI restriction site
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (1460)..(1462)
OTHER INFORMATION: S. mansoni P28 gene start codon
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (2093)..(2095)
OTHER INFORMATION: stop codon
NAME/KEY: misc_feature
LOCATION: (2096)..(2101)
OTHER INFORMATION: BamHI restriction site
US-08-586-740A-12

```

	Query Match	57.3%;	Score 797.2;	DB 9;	Length 4366;	
	Best Local Similarity	74.3%;	Pred. No. 2,9e-128;			
	Matches 1006;	Conservative 0;	Mismatches 348;	Indels 0;	Gaps 0;	
Qy	37	AAAAATCGATGTGGGTTGATATAGACAAGCATATAGATTGTAATATAAANAAGCT	96			
Db	101	AAAACCTTGATTTGTGGTCGCACCAACAAAGACATGTTATCTCCTGAAGAAGTCT	160			
Qy	97	ACAATTTAAATTTAGATTAATAATATGATTTATATCAGATATATCTCGGGTTAATCA	156			
Db	161	ACCATTTCGAACCTTGAGACATCACACAGCATATTATCTCCGACATCTCTGGTTCAACTCC	220			
Qy	157	TCTGTAATACATATCCAGATGCTCAATTTGGTGCCCGGAATAAATGGCAAGCAATACAT	216			
Db	221	TCTGTATCACATATCCAGATGCTCAATTTGGTGCCCGGACATCAAGCAACCTATCCAC	280			
Qy	217	TTAGTAAMCAATGAATCTCTTGAAGTTATAGTGCATAAAGCTATGAGATATGAATATAT	276			
Db	281	CTGGTTAACCAAGAACTCTTGAAATTTATCGGCCAACAAAGCCCATGAGCATCGAATAAAC	340			
Qy	277	GATATGTTAATAATTTATACCGTTAGCTTTGGTGTGAGAGGTTCTCTAAGATATCTGCTAGT	336			
Db	341	GACATGTTCACAACTTACCGGTATNGCTTTGGCGTGCGCGTTCCGAAGTTCTCTCTCC	400			
Qy	337	CATTTAGACAATATGCGACAAATGATATTCATTAATTAATTAAGTCTATGTAAAAACATAGT	396			
Db	401	CACCTGGACAGTAGCGGCACTAACAGTAGTCTCCATCAGCTCATATGAGAAACACATCC	460			
Qy	397	CTATCAATAGATATGGTGGTGGTGTATCACTATCACTAAAGGATAAATATTAATATGAGCTTTA	456			
Db	461	CTGTCAATCGGCTCTGGTTGGTGTCTTTCCTGGAAGGATACAAACCTGATCTGGAGCTCG	520			
Qy	457	AAAGATTCGCGGGGAGATTAGACAATAATCTTTTAGGATTTACCGATATAATTTAT	516			
Db	521	AAAGACTCCGCGGGGAGATGTCTCAGATCACTTCCGCGACCTCCGAGCAAGTTCAAC	580			
Qy	517	GCTATATTGCAAAATAAATGGTTTTTATTAATCTTACTAATGATAGATATATCTCTGCT	576			

```

Db 581 GCGTACCTGGCTAACAATGGGTTTTCATCTATCTAATGATTCGTCCTTCTGCT 640
QY 577 AATTGTATATAATGAGTACTTATGGAAGTGCAGAAATTTACTGGTTAGAGCATAT 636
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 641 AACCTGACATCAACGCGTCTGTGATGGGCTCCGCTGAATCACTGCTGTGGGCTATC 700
QY 637 AGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 696
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 701 CGTAGAGACACAAACATCTTAACTTAACTGACCGTTGCAACACAAACACCACTAGCTA 760
QY 697 TCTATGATTAATTTGCAATTTTGCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 756
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 761 TCCATGACAGAGTCCGATCTTCTGCAAGACGTAACCGGAAGAGATGAAAACTG 820
QY 757 TACACAGTATTTATCTATTAACCTTTTAAAGAGACTTGGGGAAACCCCTTACGATAT 816
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 821 TATACAGGTAACCTGCTACCTTCCGCGTACCTTGGGGTAAACCCGCTGCTTAC 880
QY 817 GATACGAATATTTATTAATTAACGATAGCTTCTAGTCTTAAGATGTCAATGAAAAAT 876
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 881 GACACGCAATATTAACGATAGCTGACCGGTCTTACGCTTAAGACGTTCAAGCAAAAC 940
QY 877 ATACAGATTAATTTATTTATTAACGATAGCTTCTAGTCTTAAGATGTCAATGAAAAAT 936
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 941 ATACGATGACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1000
QY 937 TATATAGAGGTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 996
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1001 TACTACGAGCTGATCAACAGCGCTGAAATTCATCATCAACGCTACACTCCGACACAC 1060
QY 997 GAAATGATTTCTTTTGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1056
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1061 GAAATGATTTCTTTTGTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1120
QY 1057 AATGACATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1116
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1121 AACGACATCTCTGTTTACCGGAAAGAGGATGATTTCAACAGCGTGACAGATTT 1180
QY 1117 CTAGAGATGATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1176
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1181 CTGCGTCTGTTTACCAACGCTCCGGGATCCGCTGTACAAAAAATGAGAGCTTTAA 1240
QY 1177 TTGCGGATTTAAAAACCTATTTCTGACAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1236
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1241 CTGCGGATTTAAAAACCTATTTCTGACAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1300
QY 1237 TTAGAGATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1296
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1301 CTGCGGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1360
QY 1297 ATTTGACAGCACTGCTGATTTTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1356
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1361 ATGCGTCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 1420
QY 1357 TTTTGAACCTACAGATGAGGATGAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 1390
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 1421 TTGCTTCCGACGATGAAAGTTGGACCAACGACT 1454

```

```

RESULT 10
US-08-379-611-17
: Sequence 17, Application US/08379611
: GENERAL INFORMATION:
: APPLICANT:
: TITLE OF INVENTION: VACCINES
: NUMBER OF SEQUENCES: 20
: COMPUTER READABLE FORM:
: MEDIUM TYPE: Floppy disk
: COMPUTER: IBM PC compatible
: OPERATING SYSTEM: PC-DOS/MS-DOS
: SOFTWARE: PatentIn Release #1.0, Version #1.25 (Epo)
: CURRENT APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER: US/08/379,611

```

```

: FILING DATE:
: CLASSIFICATION: 424
: PRIOR APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER: GB 9216317.9
: FILING DATE: 31-JUL-1992
: PRIOR APPLICATION DATA:
: APPLICATION NUMBER: GB 9306398.0
: FILING DATE: 26-MAR-1993
: INFORMATION FOR SEQ ID NO: 17:
: SEQUENCE CHARACTERISTICS:
: LENGTH: 3754 base pairs
: TYPE: nucleic acid
: STRANDEDNESS: double
: TOPOLOGY: circular
: MOLECULE TYPE: DNA (genomic)
: HYPOTHEICAL: NO
: ANTI-SENSE: NO
:
US-08-379-611-17

```

```

Query Match 57.2% Score 796.8; DB 7; Length 3754;
Best Local Similarity 74.3%; Pred No. 3.4e-128;
Matches 1005; Conservative 0; Mismatches 347; Indels 0; Gaps 0;

QY 37 AAAAACTGAGTTGTTGGGTATATGAAGATATAGATTTATTTAAAAAGAT 96
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 101 AAAACCTTGATTTGGGTGCAACGAAGACATGATGATTTATCTGAAAAAGTCT 160
QY 97 ACAATTTAATTTAGATTTATATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 156
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 161 ACCATTTGAACTTGAGATCAACACGATATATATCTCGACATCTCTGTTCAACTCC 220
QY 157 TCTGTAATTAACATTCAGATGCTCATATGTTGGCCGGAATTAATGCAAGCAATACAT 216
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 221 TCTGTTACATATTCAGATGCTCATATGTTGGCCGGAATTAATGCAAGCAATACAT 280
QY 217 TTAGTAACATTAATTTTACCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 276
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 281 CTGCTTACCAAGCAATCTTCTGATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 340
QY 277 GATATGTTAATTAATTTTACCTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 336
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 341 GACATGTTCAACCAATCTTCTGATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 400
QY 337 CATTTAGAACATATGACCAATAGTATTCATATATATATATATATATATATATATATAT 396
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 401 CACCTGGAACAGTACGACATGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 460
QY 397 CTATCAATAGATGCTGTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 456
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 461 CTGTCATCGGCTGCTGTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTG 520
QY 457 AAAGATTCGGGGGAGGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 516
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 521 AAAGATTCGGGGGAGGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 580
QY 517 GCTTATTTAGCAATTAATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 576
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 581 GCGTACCTGGCTAACCAATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTTGATTT 640
QY 577 AATTGTATATAATGAGTACTTATGGAAGTGCAGAAATTTACTGGTTAGAGCATAT 636
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 641 AACCTGACATCAACGCGTCTGTGATGGGCTCCGCTGAATCACTGCTGTGGGCTATC 700
QY 637 AGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 696
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 701 CGTAGAGACACAAACATCTTAACTTAACTGACCGTTGCAACACAAACACCACTAGCTA 760
QY 697 TCTATGATTAATTTGCAATTTTGCAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 756
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
Db 761 TCCATGACAGAGTCCGATCTTCTGCAAGACGTAACCGGAAGAGATGCAAAAAAGCTG 820
QY 757 TACCAAGTATTTATCTATACCTTTTAAAGACGCTTGGGGAACCCCTTTAGCATAT 816
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

Db 821 TATACCACTACCTCTCATACCTTCCCTGCTGACTTGGGGGTACCCGCTGCTTAC 880
 QY 817 GATACAGATATATATTAATACAGTAGCTTCTAGTTCTTAAGATGTTCATTAAGAAAT 876
 Db 881 GACACCAATATATACCTGATCCCGGTAGCTTCTAGCTTAAGAGCTTCAGCTGAAGAAC 940
 QY 877 ATACAGATATATATATTAATACAGTAGCTTCTAGTTCTTAAGATGTTCATTAAGAAAT 936
 Db 941 ATCACTGACTACATCTACCTGACCAACGCGCTCTTACACTAACCGTAACCTGAACATC 1000
 QY 937 TATTAATAAGGTATATATATGACATAAATTTATATTAAGATATATACCTATATAT 996
 Db 1001 TACTACCAAGCTCTTAAACAGGCTGAAATTCATCATCAACGCTTACCTCCGAACAC 1060
 QY 997 GAATAGATCTCTTTGTTAAATCAGGTGATTTTATTAATATATGATATATATATAT 1056
 Db 1061 GAATAGATCTCTTTGTTAAATCAGGTGATTTTATTAATATATGATATATATATAT 1120
 QY 1057 AATGACATCTTGTAGTTATCCGAAGATGGAATGCTTTATATATCTTATAGAAAT 1116
 Db 1121 AATGACATCTTGTAGTTATCCGAAGATGGAATGCTTTATATATCTTATAGAAAT 1180
 QY 1117 CTAAAGATAGTTTAAATGAGGAGTATCCCTTTTATTAAGATGAGGAGTATATAT 1176
 Db 1181 CTGAGTGTGTGTACAGGCTCCGGGTATCCGCTGTACAAAAATGAAAGCTGTATTA 1240
 QY 1177 TTGCGTGTATTAATTAATCTTGTACACTTAATATATATATATATATATATATAT 1236
 Db 1241 CTGCGTGTACGAAACCTACCTGTTCAGCTGAACTGTACGAGACAAAAACGTTCT 1300
 QY 1237 TTAGACATAGTATACCTATATATGTCATATATATATATATATATATATATAT 1296
 Db 1301 CTGCGTGTGTGTGTACCAACAGCTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 1360
 QY 1297 ATTCAGACATCTGATCTTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1356
 Db 1361 ATTCGTTTATCTGATCTTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 1420
 QY 1357 TTGTACCTACAGATGAGGATGACAAATGA 1388
 Db 1421 TTGCTGCGACGATGAGGTTGGACCAACGA 1452

RESULT 11
 US-08-586-740A-6
 ; Sequence 6, Application US/08586740A
 ; GENERAL INFORMATION:
 ; APPLICANT: Khan, Mohammed Anjam
 ; APPLICANT: Hormaeche, Carlos Estenio
 ; APPLICANT: Chatfield, Steven Neville
 ; APPLICANT: Dougan, Gordon
 ; TITLE OF INVENTION: VACCINE COMPOSITIONS
 ; FILE REFERENCE: M0975/7000
 ; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/586,740A
 ; PRIOR FILING DATE: 1996-07-19
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/GB93/01617
 ; PRIOR FILING DATE: 1993-07-30
 ; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9401787.8
 ; NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
 ; SOFTWARE: PatentIn version 3.0
 ; SEQ ID NO 6
 ; LENGTH: 3754
 ; TYPE: DNA
 ; ORGANISM: Artificial Sequence
 ; FEATURE:
 ; NAME/KEY: misc_feature
 ; LOCATION: (1)..(3754)
 ; OTHER INFORMATION: plasmid pTECH1
 US-08-586-740A-6

Query Match 57.28; Score 796.8; DB 9; Length 3754;
 Best Local Similarity 74.38; Pred. No. 3.4e-128;

Matches 1005; Conservative 0; Mismatches 347; Indels 0; Gaps 0;
 QY 37 AAAATCTCGATGTGTGGGTGATATATAGATATATATATATATATATATATATATAT 96
 Db 101 AAAATCTCTGATTTTGGGTGATATATAGATATATATATATATATATATATATATAT 160
 QY 97 ACAATTTTAAATTTAGAT 156
 Db 161 ACAATTTTGAACCTTGACATCAACAGATATATATATATATATATATATATATATAT 220
 QY 157 TCTGTAT 216
 Db 221 TCTGTAT 280
 QY 217 TTAGTAAACATGATCTTCTGAGTATATATATATATATATATATATATATATATAT 276
 Db 281 CTGTTTAAACAGATCTTCTGAGTATATATATATATATATATATATATATATATAT 340
 QY 277 GATATGTTTAAATTTTACCGTTAGCTTTTGGTTGAGGGTCTTAAAGTATCTGAT 336
 Db 341 GATATGTTTAAACATCTTACCGTTAGCTTTGAGGGTCTTAAAGTATCTGATCTG 400
 QY 337 CATTTAACAAT 396
 Db 401 CACTTGAACAGTAT 460
 QY 397 CTATCAATAGATCTGTTGAGTATATATATATATATATATATATATATATATATAT 456
 Db 461 CTGTCATCTGCTGTTGAGTATATATATATATATATATATATATATATATATATAT 520
 QY 457 AAAGATTCGCGGAGAGATTAAGCAATTAATTTAGGATTTTACCTGATATATATAT 516
 Db 521 AAAGATTCGCGGAGAGATTAAGCAATTAATTTAGGATTTTACCTGATATATATAT 580
 QY 517 GCTTATTTAGCAAT 576
 Db 581 GCTTATTTAGCAAT 640
 QY 577 AATTTGAT 636
 Db 641 AACTGTACATCAACGCGCTTCTGATGAGCTCCGCTGAAATCAGCTGCTGGGCTAT 700
 QY 637 AGAGAGAT 696
 Db 701 CGTAGAGCAACAACATCACTTAAAGCTGAGCGTTCAACAAACACAGATACGTA 760
 QY 697 TCTATGAT 756
 Db 761 TCCATGCAAGATTCGCTATCTTCTGCAAAAGCTGAAACCGGAAAGATCGAAAACTG 820
 QY 757 TACACAGTAT 816
 Db 821 TATACAGTAT 880
 QY 817 GATACAGAT 876
 Db 881 GATACAGAT 940
 QY 877 ATACAGAT 936
 Db 941 ATCACTGACTACATCTACCTGACCAACGCGCTCTTACACTAACCGTAACCTGAACATC 1000
 QY 937 TATTAATAAGGTATATATATGACATAAATTTATATTAAGATATATACCTATATAT 996
 Db 1001 TACTACCAAGCTCTTAAACAGGCTGAAATTCATCATCAACGCTTACCTCCGAACAC 1060
 QY 997 GAATAGATCTCTTTGTTAAATCAGGTGATTTTATTAATATATATATATATATATAT 1056
 Db 1061 GAATAGATCTCTTTGTTAAATCAGGTGATTTTATTAATATATATATATATATATAT 1120
 QY 1057 AATGACATCTTGTAGTTATCCGAAGATGGAATGCTTTATATATCTTATAGAAAT 1116
 Db 1121 AATGACATCTTGTAGTTATCCGAAGATGGAATGCTTTATATATCTTATAGAAAT 1180


```
QY 1357 TTGTACTACAGATGAGGATGACAAATGA 1388
DB 1421 TTGTTCCGACGATGAAGTTGGACCAACGA 1452

RESULT 14
US-08-676-354-5
; Sequence 5, Application US/08676354C
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Khan, Mohammed Anjam
; APPLICANT: Chatville, Steven Neville
; APPLICANT: Li, Jinqi
; TITLE OF INVENTION: EXPRESSION OF HETEROLOGOUS PROTEINS IN ATTENUATED BACTERIA
; FILE REFERENCE: M0975/7001
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/676, 354C
; EARLIER FILING DATE: 1996-11-20
; EARLIER APPLICATION NUMBER: GB 9401795.1
; EARLIER FILING DATE: 1994-01-31
; EARLIER APPLICATION NUMBER: PCT/GB95/00196
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 8
; SOFTWARE: FastSeq for Windows, Version 3.0
; SEQ ID NO 5
; LENGTH: 3769
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; NAME/KEY: misc_feature
; LOCATION: 1..3769
; OTHER INFORMATION: Artificial sequence is plasmid pTECH2
US-08-676-354-5

Query Match 57.2% Score 796.8; DB 10; Length 3769;
Best Local Similarity 74.3%; Pred. No. 3,4e-128;
Matches 1005; Conservative 0; Mismatches 347; Indels 0; Gaps 0;

QY 37 AAAAATCGATTGGTGGTGGATGATGAGATGATAGTGTATTTTAAAGAGT 96
DB 101 AAAAACCCTTATTTGGTGGTGGACACAGACACACATCGATTTATCTTAAAAAGTCT 160
QY 97 ACAATTTTAAATTTAGATATTTAATGATATTTATTCAGATATATTCGGTAAATTTCA 156
DB 161 ACCATTCTGAACCTGGACATCAACAGATATTTATTCGCCGATCTGGTTCAACTCC 220
QY 157 TCTGTATATACATATCCAGATGCTCAATTTGGTGGCCGGAATTAATGGCAAGCATATAT 216
DB 221 TCTGTATATCAATATCCAGATGCTCAATTTGGTGGCCGATCAACGGCAAGCATATCCAC 280
QY 217 TTAGTAACATGATCTCTGAGTATAGTGCATAAAGCTATGATGATGATATATAT 276
DB 281 CTGTTTACACAGATCTTCTGAGTATAGTGCACAAAGCATGAGCATGAAATCAAC 340
QY 277 GATATGTTAATATTTTACCGTTAGCTTTGGTTGAGGGTTCCATAAGTATCTGCTAGT 336
DB 341 GACATGTTCAACAACCTTCACCGTTAGCTTCTGCTGGCGCTCCGAAAGTTCTGCTCC 400
QY 337 CATTTAACAATATGCGCAAAATGAGTATGATATTAATTTACTCTATGAAATAATAGT 396
DB 401 CACCTGGAACAGTAGGCGACATACGAGTACTCATTCATCACTCATATGAGAAACACTCC 460
QY 397 CTATCAATAGATCTGTTGGAGTGTATCACTTAAGGTAATACTTAATATGACTTTA 456
DB 461 CTGTCCATCGGCTCTGTTGGTGTGTTCCCTGAAGGTAACAACCTGATCTGACCTCG 520
QY 457 AAGATTCCCGGGGAGAGTTAGCAAAATTAATTTAGGATTTAATCTGATTAATTAAT 516
DB 521 AAGAGCTCCCGGGGAGAGTTGCTGAGATCACTTCGCGGACCTCCGAGCAAGTTCAC 580
QY 517 GCTATTTAGCAAAATATGAGGTTTATTAATTTATTAATGATATGATATGATATCTGCT 576
DB 581 GCGTACCTGGCTAACAATGGGTTTCTATCTACTACTAAGATGCTGCTCTCTGCT 640
```

```
QY 577 AATTGTATATATAATGACTACTTATGGAAGTGCAGAAATTAATCTGSETTAGAGCTATT 636
DB 641 AACCTGTACATATGAGGCTCTGATGGGCTCCGCTGAAATCACTGCTCGGGCGCTATC 700
QY 637 AGAGAGATTAATTAATTAACATTAATAACTAGATGATTAATTAATTAATTAATTAAT 696
DB 701 CGTGAAGACAAACATCACTCTTAAGCTGAGCGTTGGCAACAACAACAGTACTGTA 760
QY 697 TCTATTTGATTAATTTAGATATTTTGGCAAAAGCTTAATTCACAAAGAGATTGAAATTA 756
DB 761 TCCATGCAACAAGTCCGATCTCTCTCAAGCAAGCTCAACCCGAAAGAGATGAAAACTG 820
QY 757 TCACAAGTTATTTATCTAATACCTTTTAAGAGCTTCTGGGAAACCTTTAGATAT 816
DB 821 TATACAGCTACTGCTATCACTCTCTGCGTGTGATCTTGGGGTAACCCGCTGCTTAC 880
QY 817 GATACAGATTAATTAATTAACAGTAGCTTCTAGTTCTAAGATGTTCAATTTGAAAT 876
DB 881 GACACGAGATTAATTAATTAACAGTAGCTTCTAGCTTCTAAGACGTTCAAGTAAAC 940
QY 877 ATAACAGATTAATTAATTTGACAAATGCGCCATCGTATCTAAGCAAAATTTGATATA 936
DB 941 ATCACTGACTATGATGACGACCAAGCGCCGCTTACACTAAGGTAACGTAACGATC 1000
QY 937 TATTTAGAGGTTAATTAATGAGCTAATAATTTATTAATAAGATATACACTAATAT 996
DB 1001 TACTACCGACGCTGTACCAAGCGCTGAAATTTATCATCAACGCTCACTCCGAAAC 1060
QY 997 GAAATAGATCTCTTTGTTAATAGCTGATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1056
DB 1061 GAAATAGATCTCTTTGTTAATAGCTGATTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1120
QY 1057 AATGACACATTTGAGCTTATCCGAAAGATGAAATGCTTTATATCTGTTAGATTA 1116
DB 1121 AACGAAACATATGTTGTTTACCGAAAGAGGTAAGCTTTCAACACCTGAGAGATTA 1180
QY 1117 CTACAGATGATTAATTAATCCCGAGTATCCCTTTTAAAAAATGAAAGAGTAA 1176
DB 1181 CTGCGTGTGTTTACCAAGCTCCGGGATCCGCTGTACAAAAAATGAAAGCTGTTAA 1240
QY 1177 TTGCGTGAATTAACATTTCTGTACACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1236
DB 1241 CTGCGTGAATTAACATTTCTGTACACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1300
QY 1237 TTAGGACTAGTGTAGTCCCATTAATGCAATAGGCAAGCATCAATTAAGGATATATTA 1296
DB 1301 CTGCGTGTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTTGTT 1360
QY 1297 ATTGCAAGCACTGTACTTTTAATCAATTAAGATTAATTTAGATGATGTTGTTAC 1356
DB 1361 ATGCTTTTAACTGTTAATCAACCTGAAAGCAAAATCCGTGGTTGAGTGTGTTAC 1420
QY 1357 TTGTGACTACAGATGAGGATGACAAATGA 1388
DB 1421 TTGTTCCGACGATGAAGTTGGACCAACGA 1452

RESULT 15
US-08-586-740A-9
; Sequence 9, Application US/08586740A
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: Khan, Mohammed Anjam
; APPLICANT: Hormaeche, Carlos Eslenio
; APPLICANT: Chaffield, Steven Neville
; APPLICANT: Dougan, Gordon
; TITLE OF INVENTION: VACCINE COMPOSITIONS
; FILE REFERENCE: M0975/7000
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/08/586, 740A
; EARLIER FILING DATE: 1996-07-19
; EARLIER APPLICATION NUMBER: PCT/GB93/01617
; PRIOR FILING DATE: 1993-07-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: GB 9401787.8
```

```

: PRIOR FILING DATE: 1994-01-31
: NUMBER OF SEQ ID NOS: 12
: SOFTWARE: PatentIn version 3.0
: SEQ ID NO 9
: LENGTH: 4378
: TYPE: DNA
: ORGANISM: Artificial Sequence
: FEATURE:
: NAME/KEY: misc_feature
: LOCATION: (1)..(4378)
: OTHER INFORMATION: plasmid pTECH1-P28
: NAME/KEY: misc_feature
: LOCATION: (98)..(100)
: OTHER INFORMATION: Tet C gene start codon
: NAME/KEY: misc_feature
: LOCATION: (528)..(533)
: OTHER INFORMATION: SacII restriction site
: NAME/KEY: misc_feature
: LOCATION: (1454)..(1465)
: OTHER INFORMATION: hinge domain
: NAME/KEY: misc_feature
: LOCATION: (1466)..(1471)
: OTHER INFORMATION: XbaI restriction site
: NAME/KEY: misc_feature
: LOCATION: (1472)..(1474)
: OTHER INFORMATION: S. mansoni P28 gene start codon
: NAME/KEY: misc_feature
: LOCATION: (2105)..(2107)
: OTHER INFORMATION: stop codon
: NAME/KEY: misc_feature
: LOCATION: (2108)..(2113)
: OTHER INFORMATION: BamHI restriction site
US-08-586-740A-9

```

```

Query Match      57.2%; Score 796.8; DB 9; Length 4378;
Best Local Similarity 74.3%; Pred. No. 3,4e-128;
Matches 1005; Conservative 0; Mismatches 347; Indels 0; Gaps 0;

```

```

QY 37 AAAAATCGATTGTTGGTGAATGATGAAGAAGATGATGATATATATTAATAAAGAGT 96
DB 101 AAAAACCTGATTTGTTGGTGACACAGACAGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 160
QY 97 ACAATTTAATTTAGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 156
DB 161 ACAATTTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 220
QY 157 TCTGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 216
DB 221 TCTGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 280
QY 217 TTGATTAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 276
DB 281 CTGATTAACATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 340
QY 277 GATATGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 336
DB 341 GATATGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 400
QY 337 CATTTAGAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 396
DB 401 CACCTGGAACATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 460
QY 397 CTATCAATAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 456
DB 461 CTATCAATAGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATGAT 520
QY 457 AAGATTTCCCGGAGAGTTAGACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 516
DB 521 AAGATTTCCCGGAGAGTTAGACAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 580
QY 517 GCTTATTTAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 576
DB 581 GCTTATTTAGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 640

```

```

QY 577 AATTTGATATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 636
DB 641 AACCTGATCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 700
QY 637 AGAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 696
DB 701 CTTGATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 760
QY 697 TCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 756
DB 761 TCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 820
QY 757 TACACAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 816
DB 821 TATACAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 880
QY 817 GATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 876
DB 881 GATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 940
QY 877 ATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 936
DB 941 ATACAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1000
QY 937 TATATAGAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 996
DB 1001 TATATAGAGTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1060
QY 997 GAAATAGATTTCTTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1056
DB 1061 GAAATAGATTTCTTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1120
QY 1057 AATGAGCATTTGTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1116
DB 1121 AATGAGCATTTGTTGTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1180
QY 1117 CTAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1176
DB 1181 CTAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1240
QY 1177 TTGCTGATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1236
DB 1241 TTGCTGATTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1300
QY 1237 TTAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1296
DB 1301 TTAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1360
QY 1297 ATTGCAAGCACTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1356
DB 1361 ATTGCAAGCACTGTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1420
QY 1357 TTTGATCTAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1388
DB 1421 TTTGATCTAGAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1452

```

Search completed: December 1, 2002, 11:16:42
Job time : 3183 secs

Db 6626 ATATGATATTAATAATTAATTTTAAATTTAATGATGATTAATTAAGTTGTA 6685
QY 1240 GGACAGTAGTAGTACCATTAATGTCGAATAGCAAGATCCAAATAGGATATTAATTT 1299
Db 6686 TATATATATGGGTAATAATATGATGTTTGTATATGATATATGATGATGATTAAT 6745
QY 1300 GCAAGCACTGCTCTTATTCATTTAAAGATTAATAATTTAGATGATGATGATCTT 1359
Db 6746 TAAAGTATATGATATATTAATTAATTAATTAATTTTGTGATGATGATTAAT 6805

RESULT 4

US-10-240-453-26/c
; Sequence 26, Application US/10240453
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
; APPLICANT: BERLIN, Kurt
; TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with DNA
; TITLE OF INVENTION: Transcription
; TITLE OF INVENTION: by Means of Assessing the Methylation Status of Genes Associated
; FILE REFERENCE: 5013.1009
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/240.453
; PRIOR FILING DATE: 2002-10-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/03973
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019058.8
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019173.8
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 350
; SEQ ID NO 26
; LENGTH: 5979
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-240-453-26

Query Match 4.7%; Score 66; DB 6; Length 5979;
Best Local Similarity 45.2%; Pred. No. 0.00019;
Matches 243; Conservative 0; Mismatches 295; Indels 0; Gaps 0;

QY 690 ATACGTTTCTATGATTAATTTAGATATTTTGAAGCATTAATCCAAAAGATTTGA 749
Db 5176 ATTTTCTTCTTACTTTTCTTTTCTTACTTCTTAAATATTAATTAATTAATTA 5117
QY 750 AAAATATACACAGTATTTATCTATACCTTTTAAAGACTTCTGGGAAACCTTT 809
Db 5116 AATATCTATTTCTATCTCTACTATTTACATTAACATAATATTTTAAATAATTTT 5057
QY 810 ACCATATGATACAGATATTTATTAACAGTATGTTCTTAAGATGTTCAATT 869
Db 5056 AAAATATATTAATTAATATCATTAATTTCTTTAAATTTTAAATAATTAATTTT 4997
QY 870 GAAATATATACAGATTAATTTATTTGCAAAATGCCCATCTGATCTAACGAAATTT 929
Db 4996 TAAAAAATATTAATTAATTTATCTATCTATCTATCAAAAAATATTAATTAATTA 4937
QY 930 GAATATATATTAAGAGTTATTAATAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 989
Db 4936 TTTTAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4877
QY 990 TAAATATGAATGATTTCTTTTAAATAGGATTTTATTAATTAATTAATTAATTA 1049
Db 4876 TAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 4817
QY 1050 TAAATATATGACATTTGATGATTAATCGAAAGATGAATGCTTTAATTAATTTGA 1109

Db 4816 CCACTTCATTTAAACTTAATCTTAAACATTAATAATTAATTAATTAATTA 4757
QY 1110 TACAATTTCTAAGAGTATTAATGCCCCAGATCCCTTTATTAATAAATGAAGC 1169
Db 4756 ATTAACCTTAACAAAAATTAATTAATTTTACTTTTACTCTCTCTAAATAATATTC 4697
QY 1170 AGTAAATTCGATTTAAATTAATTAATTTCTGATCACTTAATTAATTAATTAAT 1227
Db 4696 CTTAATTTTAAAAATTAACAAATCAATTAATAATTTTACTTAATTAATTAATTA 4639

RESULT 5

US-10-257-166-18
; Sequence 18, Application US/10257166
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
; APPLICANT: BERLIN, Kurt
; TITLE OF INVENTION: Method and Nucleic Acids for Analysing the Methylation of
; TITLE OF INVENTION: Genes Implicated in Pharmacogenomics
; FILE REFERENCE: 5013.1011
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/257.166
; PRIOR FILING DATE: 2002-10-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/07470
; DE 10043826.1
; PRIOR FILING DATE: 2001-06-29
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 178
; SEQ ID NO 18
; LENGTH: 11422
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-257-166-18

Query Match 4.7%; Score 65.8; DB 6; Length 11422;
Best Local Similarity 43.1%; Pred. No. 0.0002;
Matches 428; Conservative 0; Mismatches 557; Indels 8; Gaps 2;

QY 73 ATAGATGTTATATTAATAAAGAGTACATTTTAAATTTAGATATTAATTAATGATATTA 132
Db 4763 ATAAATTTGAATATTTATTTAGAGATTTTGTGATTTTGTGAAATTAATTTT 4822
QY 133 TCAGATATATCTGGTTTATTTATCTGTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTA 192
Db 4823 TAGGTTGTTATTTATTTATTAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTT 4882
QY 193 GAATTAATTAATGAACAAATTAATTTAGTAAACAAATTAATTTTAAATTTTAAATTTTAA 252
Db 4883 GAATGATGATGTTTGTGTAAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 4942
QY 253 AAGCTATGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 312
Db 4943 ATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5002
QY 313 AGGTTTCTTAAGTATCTGCTAGTCAATTTAGAACATTAATGACAAATTAATTAATTAAT 372
Db 5003 GTTATGTTATTTATTTATTTATTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5062
QY 373 ATTACCTATGAAAAAACA-TAGTATCAATAGATGCTGGTGGATGATCACTTAA 431
Db 5063 TTTTATTAATTAATAAATTAAGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5122
QY 432 AGCTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 491
Db 5123 ATAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 5182
QY 492 TAGGATTTTACCTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 551

```

Db 5183 TTTTATTATTAGAGAAAATTTTGAGAGTTTTTATTTAAATGTTAAAGTTATATTTTAAAA 5242
Oy 552 TACTATAGTACGATTTCTCTGCTAATTTGTATATAATGAGTACTTATGGAGAGTGC 611
Db 5243 GTTTACGTTATTTTAAATTAAGTATTTATATAGTAAATTTGTTATTTAT 5302
Oy 612 AGAAATTTACTGTTTGGAGCTATTAGAGAGATTAATATATTAACATTAAGTAGATAG 671
Db 5303 TGTAAATTTAGAGATTTATTTATTAAGAGAGTATATATAGATTTGATAGAGTGT 5362
Oy 672 ATGTATATATATATATCAATACGTTCTCTATGATTAATTTAGATATTTTGCAGAGATT 731
Db 5363 TATTTAGGTTTATTTATTAAGAAATATATTTATTAAGAAATGATGATTTATTAATAAT 5422
Oy 732 AATATCAAAAGAGATTAAGAAATTTATACAGATTTATTTTCTATATACCTTTTAAAGAGA 791
Db 5423 AAAAATATTTATATATATAGAAATTTATTAATATGAATTTATTTTATTTTATTTTAT 5482
Oy 792 CTTCGGGGAACCCCTTACGATATGATACAGATATTTATTTAATACAGTAGCTTCAG 851
Db 5483 TATTTATAGATTTTATATATTTTATTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTTTATTT 5542
Oy 852 TTCTAAGATGTT-----CAATGAAAAATATTAACAGATTTATGATATTTGACAATG 904
Db 5543 TTTAAATATATAGTTTATTAAGATTTATAGATGAGTAGAGAAAGTATATTTGTTTATTTT 5602
Oy 905 CGGCATCGTATCTACAGGAAATTAATATATATATATATAGAGGTTATATATAGAGACTAA 964
Db 5603 TATTAATAGTAAATATATAGTAAATGTAATATTTTGTATTTAATTTAATTAATATATTA 5662
Oy 965 AATTTATTTTAAAAAGATATATACCTAATATATGAAATAGATCTTTTGTAAATCAGGTG 1024
Db 5663 AAAGTGAATATTAAGGTTAAGGAGTACGTTATTAATATGTAATTAATTAATTAAGAAA 5722
Oy 1025 ATTTTATTTAATTTATTTGATCATATATACATA 1057
Db 5723 ATAGGTTTGTGTTTATTTATATTAATTAATAATA 5755

```

RESULT 6 US-10-240-453-26

```

; Sequence 26, Application US/10240453
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
; APPLICANT: BERLIN, Kurt
; TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with DNA
; TITLE OF INVENTION: by Means of Assessing the Methylation Status of Genes Associated
; FILE REFERENCE: 5013.1009
; CURRENT APPLICATION NUMBER: US/10/240,453
; CURRENT FILING DATE: 2002-10-02
; PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/03973
; PRIOR FILING DATE: 2001-04-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019058.8
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-06
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019173.8
; PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 1003529.7
; PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
; PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
; PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
; NUMBER OF SEQ ID NOS: 350
; SEQ ID NO 26
; LENGTH: 5979
; TYPE: DNA
; ORGANISM: Artificial Sequence
; FEATURE:
; OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-240-453-26

```

Query Match 4.7%; Score 65.6; DB 6; Length 5979;

Best Local Similarity 44.1%, Pred. No. 0.00023;
Matches 377; Conservative 0; Mismatches 464; Indels 13; Gaps 2;

```

Oy 211 ATACATTTAGTAACACATCAATCTCTGACGTTATAGTGCATTAAGCTATGATATGAA 270
Db 2242 ATTAATATATTTAATTTGAATATTTATTTTATTTATGTAATGGAATATGAAATTA 2301
Oy 271 TATATAGTATGTTTAAATATTTTACCGTTAGCTTTTGGTGAAGGTTCTTAAGTATCT 330
Db 2302 GAATTTATTTTGTATTAATAATATATATGTTTATTTTGTATAGTTTATTAATAATTTGT 2361
Oy 331 GCTAGTCATTTAGAACATATAGGCACAAATGAGTATTCATATATTTAGCTATGAAAA 390
Db 2362 ATTAGTTGATTAAGTAAATGAAATTTGATTTTAAATTAAGCGTAGATTTAT 2421
Oy 391 CATGCTATCAATGAGATCTGCTGAGCTGATCATCTTAAGATTAATATATG 450
Db 2422 GGTAGGCTGTAATTTATTTATTTTAAATTTTAAATTTGTTAAATATTAACGATATTA 2481
Oy 451 ACTTAAAGATTTCCGCGGAGAGATTAGACAAATATACCTTTAGGATTTACCTGATTA 510
Db 2482 TATTAATTTTATTTTAAAGTTATATTAATAAGTATATATATATTTTAAATTTTAAAA 2541
Oy 511 TTTAATGCTTATTTAGCA-----ATAATGGCTTTTATATACCTATTAATGAT 561
Db 2542 ATTCGAATATTTTAAAGATTTTAAATTTTAAATTTTAAATTTTATTTTATTTTAA 2601
Oy 562 AGATATCTCTCTGTAATTTGATTAATAATVAGAGTCTATGGAAGTGCAGAAATTAAT 621
Db 2602 ATTAATAGAGATATTTAATTTAATATTTTATGATGAATATTTTATAGTATGATTTATA 2661
Oy 622 GGTTAGAGAGCTATTAGAGAGATTAATATATATATATTAATTAACCTATGATGATTAAT 681
Db 2662 GTATTAATAAGTTAAAGTAAATTTTATTTAATTAATAATATTTTAAAGATTTAGTGT 2721
Oy 682 AATAATCATATAGTTCATTTGATTAATTTAGATTTTGTGAACAGCATTAATCCAAA 741
Db 2722 ATTAATTTATTTGAAATTTTGCAGTAAATAGTGTGTTGTTTATTTATTTAATTTTGT 2781
Oy 742 GAGATTTGAATAATTTATACAGAGTATTTATCTATTAACCTTTTAAAGACTTCTGGGA 801
Db 2782 GGTATATTAATAATTTGATTTTATTTATTTATTTATTTGAGTGTGTTGAAGGTTTATGA 2841
Oy 802 AACCCTTACGATAT---GATACAGATATTTAATTAACAGTACGTTCTAGTCTAA 857
Db 2842 AAGTATTAATAATAATAGATTTTAAATTAATGATATTTTAAAGCTATTAATTTGTGAAA 2901
Oy 858 AGATGTTCAATGAAAAATATTAACAGATTAATGATTTGATTTGACAAATGCGCATCGATATAC 917
Db 2902 ACGTAAATTTTATTAATAATTAAGTAAATATGTTTCGATTTATTTATTTTATTTATTTAGT 2961
Oy 918 TAACGGAATTTGAATATATATTAATAGAGGTTATATTAATGACATAAATTTATATTA 977
Db 2962 TTTATTTATTTATAGATATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTTATTA 3021
Oy 978 AAGATATACACCTTAATATGAATAGATCTTTGTTAATTCGAGGATTTTATTAAT 1037
Db 3022 ATTAATATTAATAATTTAATTAATTTTATTTAAAAAATAATTTAATTTAGCAAAATTT 3081
Oy 1038 ATATGATCATATTA 1051
Db 3082 TTAAGTGTATTA 3095

```

```

RESULT 7
US-10-240-452-34
; Sequence 34, Application US/10240452
; GENERAL INFORMATION:
; APPLICANT: OLEK, Alexander
; APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
; APPLICANT: BERLIN, Kurt
; TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with Apoptosis
; FILE REFERENCE: 5013.1006

```



```

APPLICANT: OLEK, Alexander
APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with DNA
TITLE OF INVENTION: Transcription
TITLE OF INVENTION: by Means of Assessing the Methylation Status of Genes Associated
FILE REFERENCE: 5013.1009
CURRENT FILING DATE: 2002-10-02
PRIOR APPLICATION NUMBER: US/10/240,453
PRIOR FILING DATE: 2001-04-06
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/03973
PRIOR FILING DATE: 2000-04-06
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019058.8
PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019173.8
PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
NUMBER OF SEQ ID NOS: 350
SEQ ID NO 132
LENGTH: 8170
TYPE: DNA
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-240-453-132

```

```

Query Match 4.6%; Score 64.6; DB 6; Length 8170;
Best Local Similarity 44.0%; Pred. No. 0.00035;
Matches 419; Conservative 0; Mismatches 524; Indels 10; Gaps 3;

274 AATGATATGTTAATTAATTTACCTTTGCTTGGTTGAGCGTTCTTAAGTATCTCT 333
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
464 AATGATATGTTAATTAATTTACCTTTGCTTGGTTGAGCGTTCTTAAGTATCTCT 523
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
334 AGTATTTAGAACATATGCGCAATGATGATTCATTAATTAATTAATTAATTAAT 393
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
524 TTTATTAAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 583
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
394 AGCTATTCATATGAGTCTGTTGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 453
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
584 TTTATTTATTTAGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 643
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
454 TTTAAGATTCGCGGAGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 513
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
644 TTTAAGATTCGCGGAGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 698
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
514 AATGCTATTTAGCAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 573
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
699 AATGATTAAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 758
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
574 GCTAATTTGATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 633
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
759 AATAAGTTTATTAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGT 818
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
634 AATTAGAGGATTAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGT 693
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
819 GTATTTTGGAGTGAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGT 878
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
694 GTTCTATTTGATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 753
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
879 AGTATTAAGTGAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 938
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
754 TTTATTAAGTGAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 813
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
939 TTTATTAAGTGAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 998
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
814 TATGATTAAGTGAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 873
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
999 GAATTAATGAGTGAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1058
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

```

874 AATTAACAGATTTATGATTTGACCAATGCGCATCTGATCTACGCAATGAT 933
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1059 AGTATTAAGATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1115
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
934 AATATTAATGAGTGAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGT 993
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1116 AATATTTATTAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1175
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
994 AATGAATGATTTCTTTGTTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGT 1053
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1176 AATTAAGTGAATTTGATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1233
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1054 AATATGACATTTGATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1113
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1234 AATTAAGTGAATTTATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1293
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1114 AATTAAGTGAATTTATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1173
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1294 TTTATTAATGAGTGAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1353
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1174 AATTAAGTGAATTTAATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1226
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
1354 AATTAAGTGAATTTATTAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 1406
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

```

RESULT 10
US-10-240-453-306/c
Sequence 306, Application US/10240453
GENERAL INFORMATION:
APPLICANT: OLEK, Alexander
APPLICANT: PIEPENBROCK, Christian
TITLE OF INVENTION: Diagnosis of Diseases Associated with DNA
TITLE OF INVENTION: Transcription
TITLE OF INVENTION: by Means of Assessing the Methylation Status of Genes Associated
FILE REFERENCE: 5013.1009
CURRENT FILING DATE: 2002-10-02
PRIOR APPLICATION NUMBER: PCT/EP01/03973
PRIOR FILING DATE: 2001-04-06
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019058.8
PRIOR FILING DATE: 2000-04-06
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10019173.8
PRIOR FILING DATE: 2000-04-07
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10032529.7
PRIOR FILING DATE: 2000-06-30
PRIOR APPLICATION NUMBER: DE 10043826.1
PRIOR FILING DATE: 2000-09-01
NUMBER OF SEQ ID NOS: 350
SEQ ID NO 306
LENGTH: 11812
TYPE: DNA
ORGANISM: Artificial Sequence
FEATURE:
OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)
US-10-240-453-306

```

```

Query Match 4.6%; Score 64.4; DB 6; Length 11812;
Best Local Similarity 44.1%; Pred. No. 0.00038;
Matches 363; Conservative 0; Mismatches 456; Indels 5; Gaps 2;

476 TTAGACAATTAATTTAGCAATTAATTAATTTAGCAATTAATTTAGCAATTAAT 535
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
2708 TATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTTATTAATTAATTAATTTATTAATTAAT 2649
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
536 GGTATTTTATTAATTAATTAATTAATTTATTAATTAATTTATTAATTAATTTATTAAT 595
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
2648 ATCAATTTTATTAATTAATTAATTTATTAATTAATTTATTAATTAATTTATTAAT 2589
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
596 TACTTATGAGCAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAATGAGTGAAT 655
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||
2588 AATTAATTAATTAATTTATTAATTAATTTATTAATTAATTTATTAATTAATTTATTAAT 2529
    ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| ||| |||

```

Query Match	4.6%;	Score 64.4;	DB 6;	Length 15732;
Best Local Similarity	44.2%;	Pred. No. 0.00037;		
Matches 457;	Conservative	0;	Mismatches 561;	Indels 16;
			Gaps	
US-10-240-453-108				
OTHER INFORMATION: chemically treated genomic DNA (Homo sapiens)				
FEATURE:				
ORGANISM: Artificial Sequence				
TYPE: DNA				
18 AATCCATCTTCTTTCGAAAAATCTGCATTTGGTGGTGATATGACAGATATAGA 77				
Db 9193 AGTAAAAATATATATTTTATGAAATTTCTATATTGGATTAAATTTATATATAGGAG 9252				
QY 78 TGTATATTTAAAAAGACATATTTTAAATTAGATATTAATATGATTTTATACGA 137				
Db 9253 AAAATTTTATTTTATTTGGATTAAAAATTAATTTAGTTATATGTTGTTGATTAAGTATAAT 9312				
QY 138 TATATCGGTTTATTCATCTGTAATAACATATCCAGATGCTCAATGGTGCCCGGAAT 197				
Db 9313 AAGATATATAGTTTATTTATAGTTTGGAAAAAGCTGGAAAAAGTATATTTTAAATTTTA 9372				
QY 198 AAATGGCAAGCAATACATTTAGTAACACATGATCTTGGAAGTATATAGTATAGCATAAAGC 257				
Db 9373 ATTTAAGAAAGATTTTATAGGAAAAATAGTGTAGTTTAAATAGCTTAAATAGTTAATAG 9432				
QY 258 TATGGATATTTGAATATATATGATATGTTTAAATATTTTACCGTTAGCTTTGGTGGAGGT 317				
Db 9433 TATTAGATATATAGTTTATTTATATATGTAAGATATGTAATTTGGAAAAAGATATATA 9492				
QY 318 TCCGAAGTATCTCTCTAGTCAT -TTAGAACATATGGCAACATAGTATTCATATATTA 376				
Db 9493 ATTTAATTTATATATATATATATATTTGTTTATTTTATTAAGTAGATATATAGAGATT 9552				
QY 377 GCCTATGAAAAAACATAGTCTATCAATAGAGATCTGTTGAGTAGTATCACTTAAAGTA 436				
Db 9553 TTTTATTTTATTTTAAATATATATATATATATATAT -ATTAGATATATATTTTATGTA 9609				
QY 437 ATACATTAATATAGACTTTAAAGATATTCGGGGGAAGTTAGCAATTAACCTTTTATGG 496				
Db 9610 AAATATATATGTAAGTAATTAAGAAATATATATGAGAAATTAATTAATTTATTTAGAG 9669				
QY 497 ATTTACCTGATAATTTAATGCTTATTTAGCAAAATAAATGGGTTTATTAACATATACGA 556				
Db 9670 TTGGCAATTTTATTTATTTTATTTTATTTAGTTATGCAAGAAATAGGTAAATAAATAGTTTATGATT 9729				
QY 557 ATGATGATTTATCTTCGCAATTTGATATATTAATATGAGTACTTATGGAAGTGCAGAAA 616				
Db 9730 TAGATTTAGATTTTATTAATATATATTAATTAATTAATTTTAAAGAAATTTTATTTTATTTA 9789				
QY 617 TTATCGGTTTAGAGCATTTATAGAGAGATATATATATATATTAACATTTAAACATAGTATAGTGA 676				
Db 9790 ATAGATTTTGAATTTTAACTGTTATATAATTTTTTTAAAGTTATATAGAGATATATAGAAA 9849				
QY 677 ATAAATATATATCAATCGTTTATTTATGATTAATTTAGCATATTTTGCAGAACATTAATATC 736				
Db 9850 ATATTTTATGTAATAAGTA ---TAAAAAGTTAAATCTATTTTAAAGCTAGAGAAATA 9905				
QY 737 CAAAAGAGATGAAAAATTAATACCAAGTATTTATCTATTAACCTTTTATAGAGACTCT 796				
Db 9906 TATATATGATTTTTTTGGTTTTTTTATTAATTTTGGTATATAAAAATGTTATTTATGATT 9965				
QY 797 GGGGAAACCTTTAGCATATGATACAGATATTTTAAATACAGTACGTTCTAGTTCTGA 856				
Db 9966 GAGTATAGATATGATTTATTTGAAAAAGAGATATATTTT -TTTTTATTTTGT 10017				
QY 857 AAGATGTCATTTGAAAAATATTAACAGATATATATGATTTTGGACAAATGGCCATCGTATA 916				
Db 10018 GTAAATATGAGTATTAATTAATCAATGATTTATGAAAATGTAAGATTTATTTTGGAGTAAA 10077				
QY 917 CTAAAGCAAAATGGAATATATATTTATAGAAAGTTATATATAGCACTAAATTTATTTATTA 976				

Query Match	4.5%	Score 63	DB 6	Length 5690
Best Local Similarity	43.0%	Pred. No.	0.00071	
Matches 523	Conservative	0	Mismatches 680	Indels 12
				Gaps 4

QY 52 TGGGTTGATTAAGAGAGATATAGATGTTATATATAAAAAAGAGTACATTTTAAATTTA 111
 Db 1080 TTGATTAAGAAAGAGAGGTTTGTGTTATATAAATTAAGATATATAATTAATAATA 1139
 QY 112 GATATTAATAATGATATTTATATCAGATATATCTGGGTTTATATCATCTGTAATACATAT 171
 Db 1140 GAAATATTTATTTTAAATGATTAAGATATATGAAATTAATTTTAAAGTGTG 1199
 QY 172 CCAGATGCTCAATTTGGTCCCGGCAATAAAGCAATACATTTAGTAACATGAA 231
 Db 1200 ATATATGTTGTTAGT-----GATTTAGGATTTTGTGAATTTTATATTTAATTAG 1254
 QY 232 TCTTCTGAGATATAGTGCATTAAGCTATGATATTAATTAATGATATGTTAATAT 291
 Db 1255 TTTATTTTATGATATTTATGTTTGTGTAAGATATATGTTAAGATATTTTAAATTA 1314
 QY 292 TTTACGTTAGCTTTGGTTGAGGTTCCAAAGTATCTGCTAGTCAATTAGAACATAT 351
 Db 1315 TATTTAGAGATATGAATGATTTAGTTATTTATGTTAAGAGTTAAAGAAATATAA 1374
 QY 352 GGCACAAATGAGATTTCAATTAATTAGCTCTATGAAAAACATAGCTATCATAGATCT 411
 Db 1375 AATTAATTTGTAATTTTAAATTTTAAATTTTGAATAATAGSTTTGGAATACGAGATTT 1434
 QY 412 GGTGAGTGTATCACTTAAGSTAAATACCTTAATATGACTTTAAAGATTCGCGGGA 471
 Db 1435 TTTTAAATTTTATCGTTAAATTTGATATGATATTTGTTATATATTTTAACTTTT 1494
 QY 472 GAAGTTAGCAAAATTAAGCTTTAGGATTTTACGATTAATTTAATGCTTATAGCAAT 531
 Db 1495 AATTAATGTTTAAATTAATTAATGAGTTTGAATTAATTAATTAATTAAGATTTAA 1554
 QY 532 AATGAGTTTAACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 591
 Db 1555 AATGCTGGAATTAATTAAGAGTTTATTTTCCGTTTGAAGAAAGATTAATTTTGA 1614
 QY 592 GGAAGTCTTAATGGAAGTCCAGAAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 651
 Db 1615 TGAATAATTAATTTTATTTTAAATTTTAAATTTGAGTATGATTAAGGTAACGTTAGT 1674
 QY 652 ATTAACCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 711
 Db 1675 AAGAAATTTATATAGAAAGAAAGATGTTGATTAAGATATTTTATTAAGTATGTT 1734
 QY 712 AGGATTTTTCGAAAGCATTAATCCAAAGAGATGCAAAATTAATTAACAGATTTTAA 771
 Db 1735 AGTATTTT-----TTTGGAGATTTTGTGTTTATTTTATTTTATAGTAAATAT 1790
 QY 772 TCTAATACCTTTTAAAGACTTCTGGGGAACCTTTACGATATGATACGAATATATAT 831
 Db 1791 TTGTAAGGTTAGGATGATGATGTGTGATGATGATGATGATGATGATGATGATGATG 1850
 QY 832 TTAATCCAGTACCTCTAGTCTTAAGAGTCAATGCAATGAAAAATTAACAGATTAATG 891
 Db 1851 ATATTTTATGAGAAATATTTTAAATTTTAAATTTTAAAGTAAAGGTTGATTTTAAAT 1910
 QY 892 TATTTGACAAATGCCCATCTATACGAAAGATGCAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 950
 Db 1911 AGTTTAATTTTAAATTAATTAATTTTGTGTTTGTGAGTTTATTTTGTGTTTGTGTT 1970
 QY 951 ATATTAATGACCTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1010
 Db 1971 TTGTTTAAATAGTATGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2030
 QY 1011 TGTAAATCAGGATTT--TTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1068
 Db 2031 AATTAATAGTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2090
 QY 1069 GTAGTTATCCGAAAGATGAATGCTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1128
 Db 2091 TTTGCTATTTAAAGAGTGTGATGTTTATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2150
 QY 1129 TATTAATGCCCCAGTATCCCTCTTTTATAAAAAATGAGACGATTAATTTGCGTGAATTA 1188

Db 2151 ATTTGTTTGTGTTGATAGTTTATATAAATAGATTTTGTATTTTGGGAGTT 2210
 QY 1189 AAACCTATTCGTGACACTTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 1248
 Db 2211 TGGTATATTTGATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAATTAAT 2270
 QY 1249 GGTACCATTAATGTT 1263
 Db 2271 AATTAATTAAGATAGT 2285

Search completed: December 1, 2002, 11:20:01
 Job time : 189 secs